pod redakcją Waldemara Lewińskiego

BIOLOGIA

BIOTECHNOLOGIA
BIORÓŻNORODNOŚĆ

szkoły ponadgimnazjalne - zakres podstawowy

część 01/25

terazwiedza

edycja 2014

Biotechnologia Bioróżnorodność

szkoły ponadgimnazjalne

Zakres podstawowy

EDYCJA 2014

pod redakcją Waldemara Lewińskiego

Jan Prokop

Jacek Balerstet

Teresa Borowska

© Copyright by

terazwiedza

Wszelkie prawa zastrzeżone. Kopiowanie, rozpowszechnianie lub odsprzedawanie poniższej publikacji w części lub w całości w jakiejkolwiek formie bez wyraźnej pisemnej zgody Wydawcy jest zabronione. Publikacja przeznaczona jest tylko do użytku prywatnego.

Copyright
© Waldemar Lewiński 2014
© Jan Prokop 2014
© Jacek Balerstet 2014
© Teresa Borowska 2014

Menadżer projektu i redaktor prowadzący – Dagmara Lewińska
Opracowanie graficzne projektu – Damian Lewiński
Grafiki – Jacek Balerstet, Damian Lewiński
Projekt okładki – Damian Lewiński
Redakcja techniczna – zespół

© Copyright by Oficyna Wydawnicza „Teraz Wiedza” s.c. 2014

ISBN - 978-83-62757-06-0

Oficyna Wydawnicza „Teraz Wiedza” s.c.
D. Lewińska, D. Lewiński, W. Lewiński
ul. Sobieskiego 292C/11
84-200 Wejherowo
e-mail: kontakt@terazwiedza.pl
www.terazwiedza.pl

Biologia LO zakres podstawowy

Teraz Biologia LO to przygotowywana seria 25 e-booków do nauki biologii na poziomie szkoły ponadgimnazjalnej opracowana przez zespół doświadczonych autorów, dydaktyków i nauczycieli zgodnie ze standardami MEN. Dokładamy wszelkich starań, aby informacje zawarte w e-bookach były napisane w sposób zrozumiały dla każdego ucznia. Łatwość i komfort uczenia się wspierają setki zdjęć, grafik i schematów. Ponadto każdy rozdział kończy się podsumowaniem i kompletem poleceń kontrolnych, które można pobrać z naszej strony internetowej.

Rozszerzeniem każdego e-booka będzie odpowiadający mu tematycznie kurs online. Nasze kursy zawierają liczne dodatkowe informacje, grafiki, filmy, doświadczenia i ich analizy oraz interaktywne testy kontrolne. Zapraszamy na naszą stronę internetową **www.terazwiedza.pl**

Teraz Biologia Zakres Podstawowy to pierwszy e-book z serii, który oddajemy w Państwa ręce. E-book jest przeznaczony dla wszystkich szkół ponadgimnazjalnych. Obejmuje działy: **biotechnologia** oraz **bioróżnorodność**.

Spis treści

BIOTECHNOLOGIA

Wstęp
1. Od nukleotydu do kwasu nukleinowego
1.1. Budowa nukleotydów i ich łączenie się
1.2. Budowa DNA
1.3. Replikacja DNA
1.4. Budowa i rodzaje RNA
1.5. Podsumowanie
1.6 Polecenia kontrolne
2. Od genu do genomu
2.1. Geny i DNA pozagenowy
2.2. Struktura genów
2.3. Genomy i ich wielkość
2.4. Pakowanie materiału genetycznego
2.5. Liczba chromosomów
2.6. Podsumowanie
2.7. Polecenia kontrolne
3. Od genu do cechy
3.1. Wprowadzenie
3.2. Kod genetyczny
3.3. Transkrypcja (od DNA do mRNA)
3.4. Translacja - wprowadzenie
3.5. Przebieg translacji (od mRNA do białka)
3.6. Hemoglobina
3.7. Tabela kodu genetycznego
3.8. Podsumowanie
3.9. Polecenia kontrolne
4. Podstawy genetyki klasycznej

4.1. Wprowadzenie
4.2. Prace i osiągnięcia G. Mendla
4.3. Rozszerzenie doświadczeń Mendla
4.4. Chromosomowa teoria dziedziczności
4.5. Mechanizmy genetyczne determinujące płeć
4.6. Cechy sprzężone z płcią i zależne od płci
4.7. Podsumowanie
4.8. Polecenia kontrolne
5. Błędy, czyli mutacje i ich znaczenie
5.1. Wywoływanie mutacji
5.2. Podstawowy podział mutacji
5.3. Mutacje genowe (tu: punktowe)
5.4. Mutacje chromosomowe
5.5. Podsumowanie
5.6. Polecenia kontrolne
6. Choroby genetyczne człowieka
6.1. Choroby jednogenowe
6.2. Choroby wielogenowe
6.3. Poradnictwo genetyczne
6.4. Podsumowanie
6.5. Polecenia kontrolne
7. Biotechnologia tradycyjna
7.1. Podsumowanie
7.2. Polecenia kontrolne
8. Inżynieria genetyczna
8.1. Cele strategiczne
8.2. Zasady ogólne
8.3. Podstawowe techniki inżynierii genetycznej
8.4. Podsumowanie

8.5. Polecenia kontrolne
9. Wykorzystanie rekombinacyjnych technik DNA
9.1. Antropologia i nauki podstawowe
9.2. Biopaliwa
9.3. Zanieczyszczenie środowiska
9.4. Medycyna i farmacja
9.5. Rolnictwo
9.6. Wymiar sprawiedliwości
9.7. Biotechnologia i prawo
9.8. Podsumowanie
9.9. Polecenia kontrolne
BIORÓŻNORODNOŚĆ
10. Źródła różnorodności biologicznej
10.1. Różnorodność biologiczna i ewolucja
10.2. Zmiany różnorodności biologicznej w czasie
10.3. Geograficzny rozkład różnorodności biologicznej
10.4. Podsumowanie
10.5. Polecenia kontrolne
11. Kategorie i miary bioróżnorodności
11.1. Różnorodność genetyczna
11.2. Różnorodność gatunkowa
11.3. Różnorodność ekosystemowa
11.4. Podsumowanie
11.5. Polecenia kontrolne
12. Zagrożenia różnorodności biologicznej
12.1. Wpływ człowieka na różnorodność biologiczną
12.2. Wybrane negatywne skutki globalne
12.3. Podsumowanie
12.4. Polecenia kontrolne

13. Koncepcje i formy ochrony przyrody
13.1. Nurty ochrony przyrody
13.2. Motywy ochrony przyrody
13.3. Formy ochrony przyrody
13.4. Podsumowanie
13.5. Polecenia kontrolne
14. Ochrona przyrody w Polsce
14.1. Ochrona indywidulana
14.2. Ochrona obszarowa
14.3. Ochrona czynna w Polsce
14.4. Zielone Płuca Polski
14.5. Podsumowanie
14.6. Polecenia kontrolne
15. Współpraca międzynarodowa
15.1. Konferencje ONZ
15.2. Konwencje i programy międzynarodowe
15.3. Podsumowanie
15.4. Polecenia kontrolne
16. Inicjatywy pozarządowe
16.1. Organizacje pozarządowe
16.2. Podsumowanie
16.3. Polecenia kontrolne
17. Przyszłość naszego środowiska
17.1. Gorące punkty różnorodności biologicznej
17.2. Model ochrony różnorodności biologicznej
17.3. Antropocen - nowa epoka geologiczna?

BIOTECHNOLOGIA

Wstęp

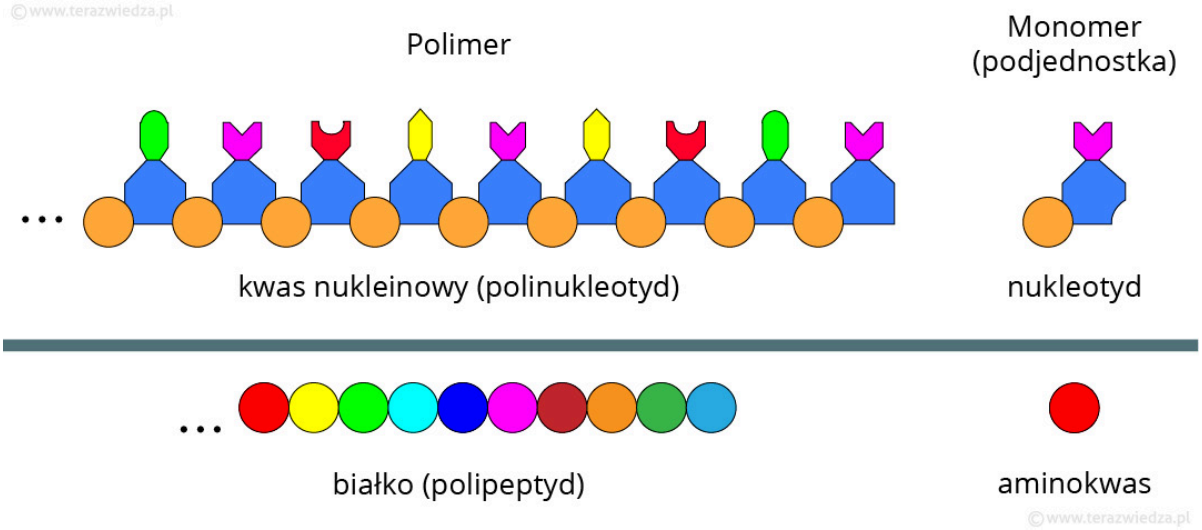
Zanim zaczniemy poznawać tajniki biotechnologii i zwrócimy uwagę na problemy związane z globalnym spadkiem różnorodności biologicznej (bioróżnorodności) zastanówmy się, co może łączyć te dwa zagadnienia.

Poznanie budowy DNA i mechanizmów związanych z jego odczytywaniem pozwoliło na opanowanie technik zmieniania informacji genetycznej. Krótko mówiąc, umożliwiło powstanie i rozwój inżynierii genetycznej. Techniki inżynierii genetycznej są zaś podstawą współczesnej biotechnologii. Być może jej postęp pozwoli zmniejszyć lub zlikwidować problemy takie, jak pandemie chorób zakaźnych, choroby dziedziczne, niedożywienie, a także globalne ocieplenie czy wyczerpywanie się nieodnawialnych zasobów przyrody. W tym miejscu, przy zachowaniu odpowiednich standardów etycznych i naukowych, pojawia się możliwość wykorzystania osiągnięć biotechnologii do ochrony istniejącej bioróżnorodności. Pamiętajmy - czas ucieka...

Panorama z Ostrysza - kulturowy krajobraz zawierający elementy naturalne (przyrody ożywionej i nieożywionej) oraz antropogeniczne znajdujące się w stanie pewnej równowagi

1. Od nukleotydu do kwasu nukleinowego

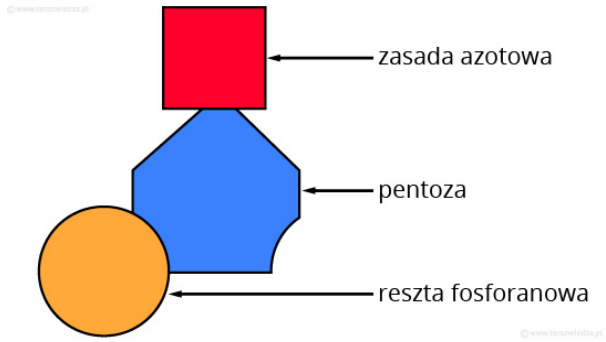
Pod względem wagowym kwasów nukleinowych w komórkach jest znacznie mniej niż białek, jednak to te pierwsze odpowiadają za ciągłość życia. Przede wszystkim dotyczy to **kwasu deoksyrybonukleinowego** (DNA). We wszystkich komórkach występuje także **kwas rybonukleinowy** (RNA). Jego cząsteczki pełnią istotną rolę w biosyntezie białek. Kwasy nukleinowe są polimerami, czyli substancjami chemicznymi o bardzo dużej masie cząsteczkowej, które składają się z wielokrotnie powtórzonych podjednostek (monomerów). Jak wiesz, w przypadku kwasów nukleinowych podjednostkami są **nukleotydy**. Nukleotydy łączą się wiązaniami kowalencyjnymi w łańcuchy liczące setki, a nawet miliony nukleotydów. Zatem każdy kwas nukleinowy jest **polinukleotydem**.



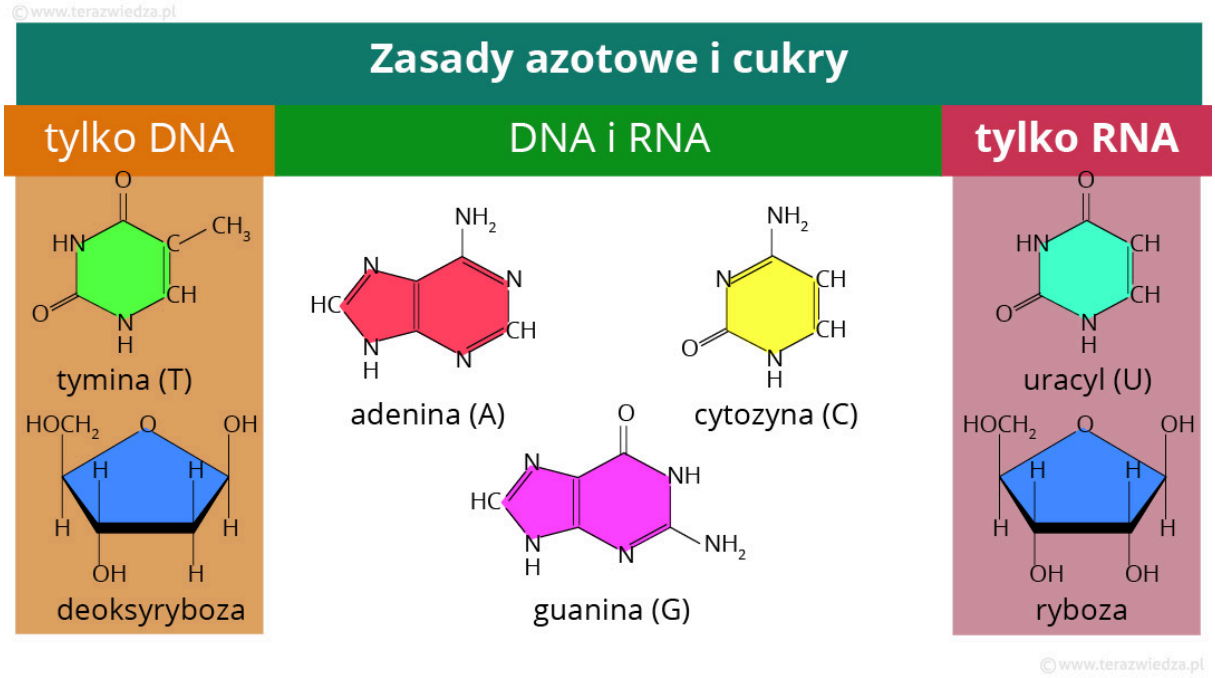
Polimery występujące w organizmach żywych powstają w reakcjach kondensacji

1.1. Budowa nukleotydów i ich łączenie się

Jeden nukleotyd składa się z trzech elementów: cząsteczki **pięciowęglowego cukru** (pentozy), reszty **kwasu fosforowego**(V) oraz **zasady azotowej**.



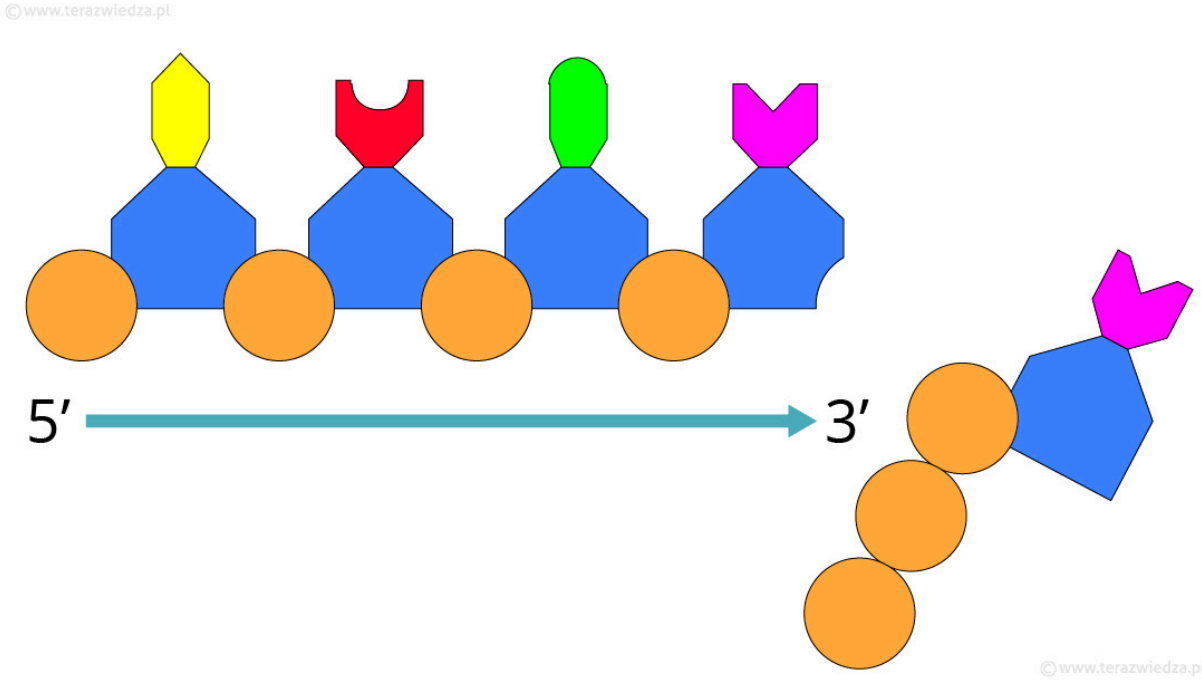
W nukleotydach DNA występuje cukier – **deoksyryboza**, w RNA – **ryboza**. Zasady azotowe są niewielkimi, pierścieniowymi cząsteczkami organicznymi. W skład DNA wchodzą cztery rodzaje zasad azotowych: **adenina** (A), **guanina** (G), **tymina** (T) i **cytozyna** (C). W RNA też są cztery rodzaje zasad azotowych. Trzy z nich: adenina (A), guanina (G) i cytozyna (C) to te same cząsteczki co w nukleotydach DNA, natomiast zamiast tyminy występuje inna zasada azotowa – **uracyl** (U).



Zasady azotowe i cukry w kwasach nukleinowych

Nukleotydy łączą się ze sobą wspomnianymi już wiązaniami kowalencyjnymi w taki sposób, że reszta jednego kwasu fosforowego łączy się z cząsteczką cukru drugiego nukleotydu itd. Łączenie nukleotydów (synteza łańcucha polinukleotydowego) wymaga dużych nakładów energii,

dlatego substratami są tu **trifosforany nukleozydów** - połączenia cukru, zasady azotowej i trzech reszt kwasu fosforowego(V).



Ogólna zasada wydłużania łańcucha nukleotydów (kierunek 5’ do 3’). Z prawej strony ryciny widoczny jest dołączany trifosforan nukleozydu

Rozkład wysokoenergetycznych wiązań między dwiema resztami fosforanowymi umożliwia dołączanie nukleotydów (zauważ, że nukleotydy są monofosforanami nukleozydów). W syntezie kwasów nukleinowych uczestniczą różne białka enzymatyczne. Samą reakcję włączania nowych nukleotydów przeprowadzają **polimerazy** (odpowiednio - polimeraza DNA albo polimeraza RNA). Bez względu na rodzaj kwasu nukleinowego, kierunek wydłużania nici jest zawsze jeden. Reszta fosforanowa nowego nukleotydu tworzy wiązanie z węglem 3’ cząsteczki cukru ostatniego nukleotydu. Mówimy więc, że synteza kwasów nukleinowych postępuje z kierunku 5’ do 3’.

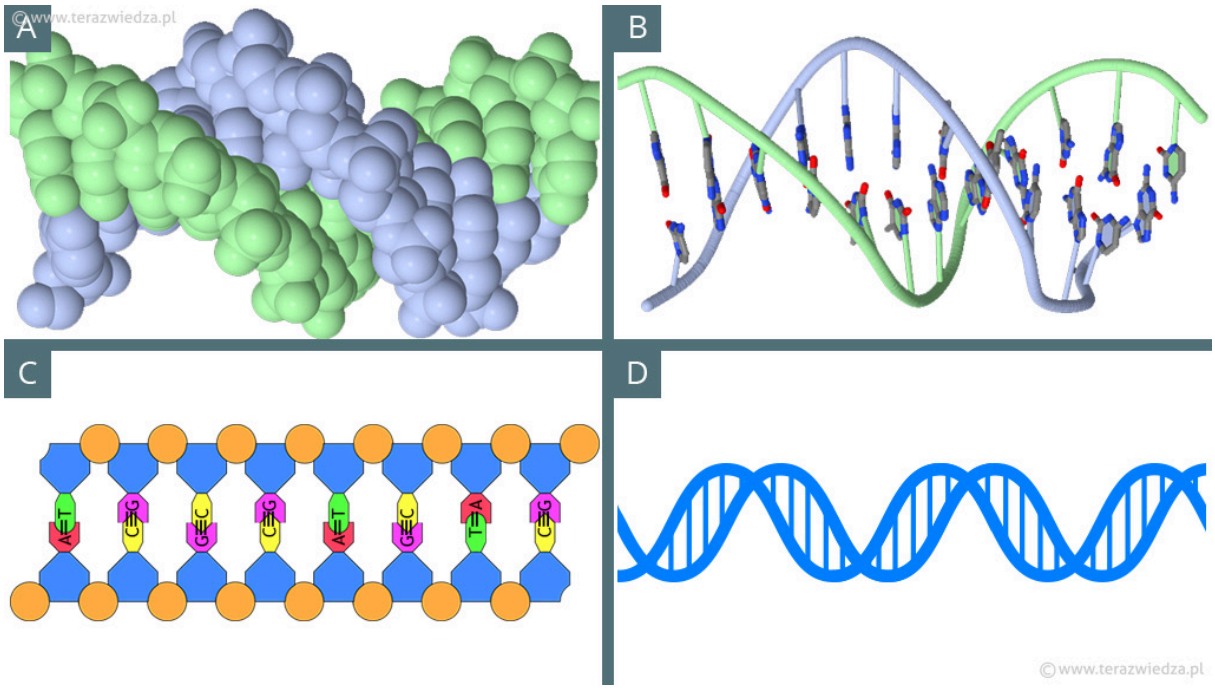
Nukleotydy mogą łączyć się ze sobą w dowolnej kolejności.

5’ N1-N2-N3-N4-N5-N6-N7-N8 3’

1.2. Budowa DNA

Cząsteczki DNA są na ogół wielokrotnie większe niż cząsteczki RNA. DNA różni się od RNA także budową przestrzenną, jest bowiem

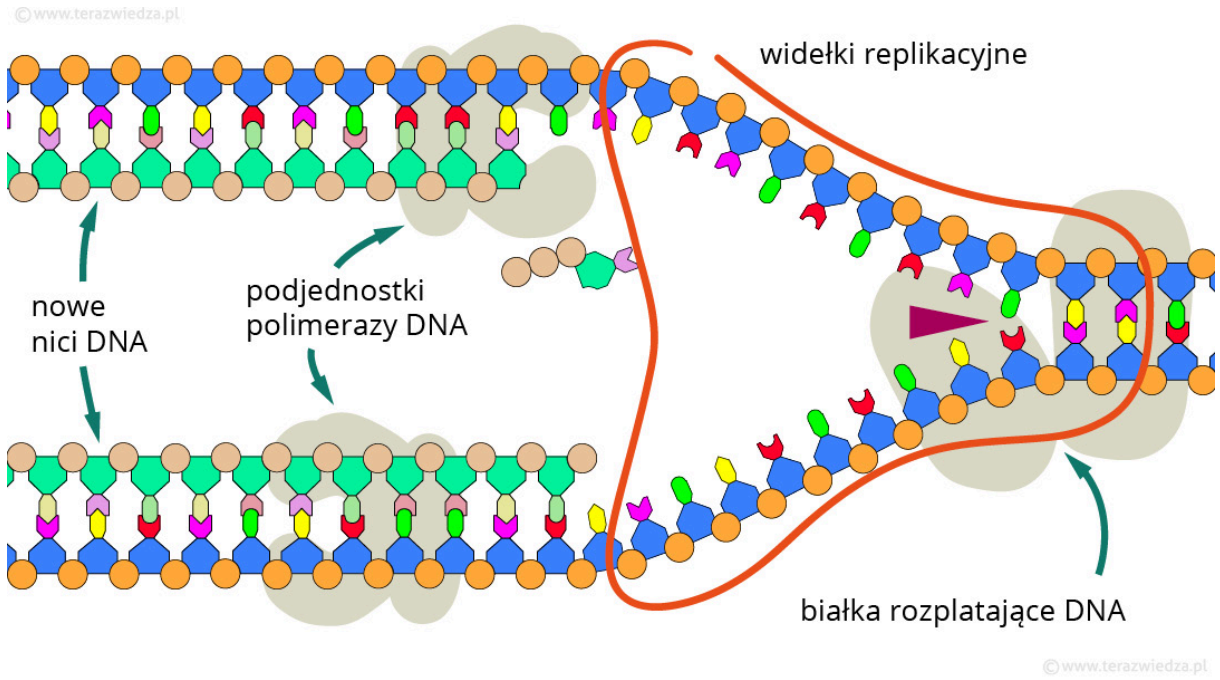
polinukleotydem dwuniciowym. Obie nici cząsteczki DNA są ułożone względem siebie równolegle i jednocześnie skręcone spiralnie wokół wspólnej osi. Taki kształt nazywamy **podwójną helisą**. Przedstawiając to obrazowo: cząsteczka DNA przypomina zwiniętą spiralnie drabinę, której szczeble to pary nukleotydów. Poręcze drabiny stanowią cząsteczki deoksyrybozy i reszty kwasu fosforowego(V). Stabilność połączenia obu nici zapewniają wiązania wodorowe pomiędzy leżącymi naprzeciw siebie zasadami azotowymi. Nici podwójnej helisy połączone są zawsze w ten sposób, że adenina jednej nici łączy się z tyminą drugiej nici, a cytozyna z guaniną. Pary AT wytwarzają po dwa wiązania wodorowe, pary GC po trzy. Wzajemne uzupełnianie się (parowanie) nici DNA nazywamy **komplementarnością**. Wynika z niej m.in. to, że kolejność ułożenia nukleotydów jednej nici wyznacza kolejność ułożenia nukleotydów drugiej. Stąd „dysponując" jedną nicią DNA, można precyzyjnie odtworzyć całą cząsteczkę dwuniciową. Zatem skoro różne cząsteczki DNA mają taką samą budowę przestrzenną to kolejność ułożenia (sekwencja) nukleotydów stanowi **informację genetyczną**.



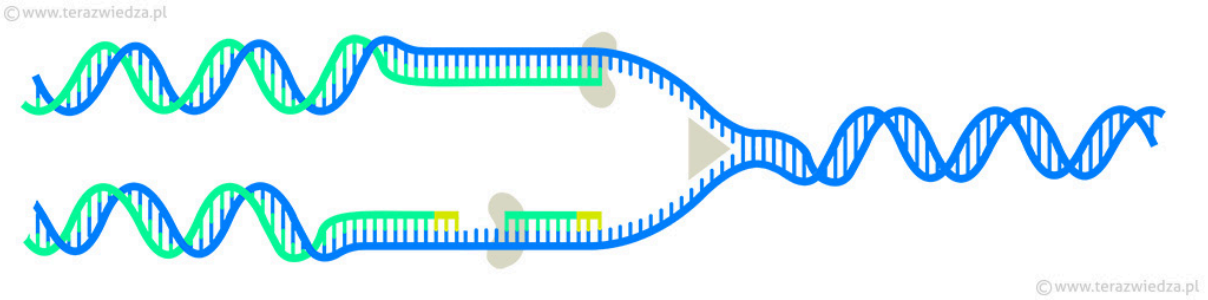
Różne modele fragmentu cząsteczki DNA (A i B - przestrzenne, C i D - dwuwymiarowe)

1.3. Replikacja DNA

Replikacja (kopiowanie DNA) jest procesem skomplikowanym, który musi być niezwykle dokładny i przebiegać bardzo szybko. Wymaga to udziału różnych enzymów i oczywiście zapasu wolnych nukleotydów. Cały proces rozpoczynają specjalne białka, które częściowo rozplatają podwójną helisę DNA. Na schematach replikacji miejsce to przedstawiane jest jako **widełki replikacyjne**. Następnie do obu nici DNA przyłącza się bardzo duże białko enzymatyczne - **polimeraza DNA**. Jej podjednostki przesuwają się po rozplecionych (starych) niciach i stopniowo dobudowują do nich nowe nici, włączając nukleotydy zgodnie z zasadą komplementarności. Polimeraza DNA dobudowuje jedną z nowych nici w sposób ciągły, drugą natomiast z niewielkich fragmentów. Jednak inne enzymy (m.in. ligazy) scalają te fragmenty i ostatecznie powstają dwie kompletne cząsteczki dwuniciowe. Nowe cząsteczki DNA samorzutnie przyjmują postać podwójnej helisy. Zatem w procesie replikacji z każdej cząsteczki DNA powstają dwie cząsteczki potomne. Obie cząsteczki potomne są zbudowane identycznie z cząsteczką wyjściową (mają taką samą liczbę tak samo ułożonych nukleotydów).

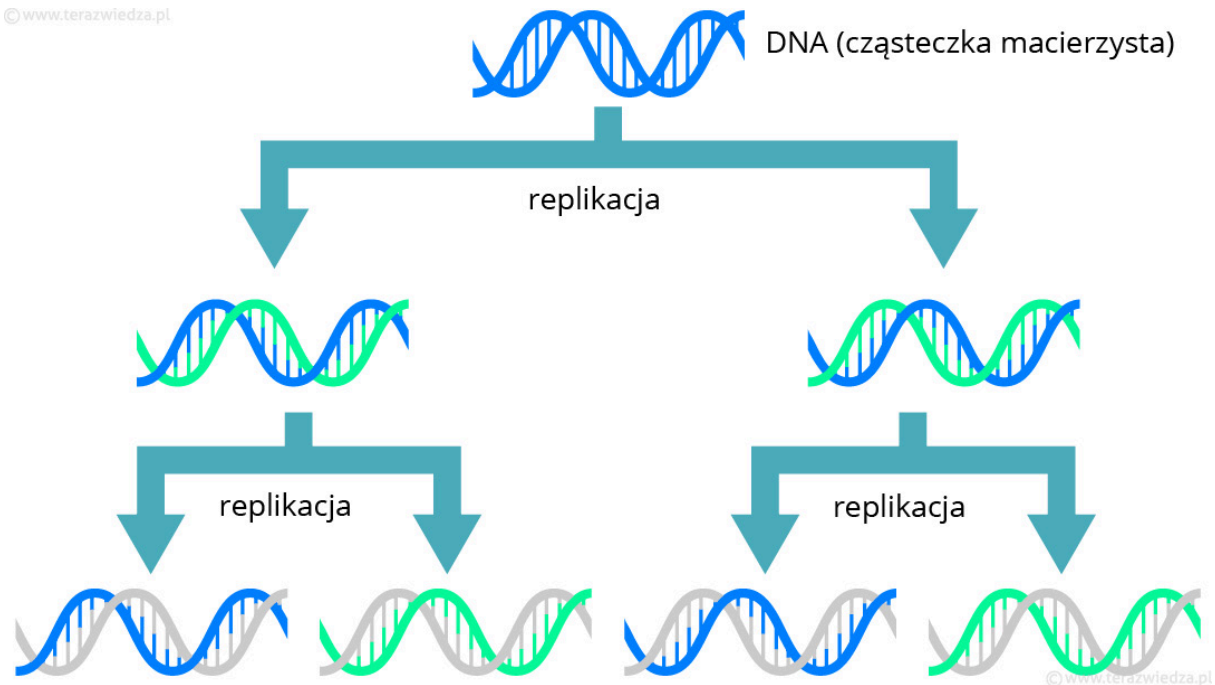


Replikacja DNA (zwróć uwagę na widełki replikacyjne)



Schemat ogólny replikacji

Każda potomna cząsteczka DNA ma jedną nić „starą", pochodzącą z cząsteczki wyjściowej, i jedną „nową", dobudowaną z puli wolnych nukleotydów. Taki typ replikacji określamy mianem **semikonserwatywnej** (nieformalnie - półzachowawczej). Replikacja jest bardzo dokładna. Błędnie wstawione nukleotydy pojawiają się nie częściej niż 1 na milion, przy czym większość tych błędów polimeraza DNA potrafi usunąć sama. Teoretycznie dzięki temu możliwe jest tworzenie nieograniczonej liczby identycznych kopii DNA, przy niemal 100% gwarancji zachowania niezmienionej ilości i jakości materiału genetycznego w komórkach potomnych. To dlatego replikacja poprzedza wszystkie podziały komórkowe.



Schemat dwóch rund replikacji DNA. Różne kolory nici potomnych pokazują, że replikacja ma charakter semikonserwatywny

1.4. Budowa i rodzaje RNA

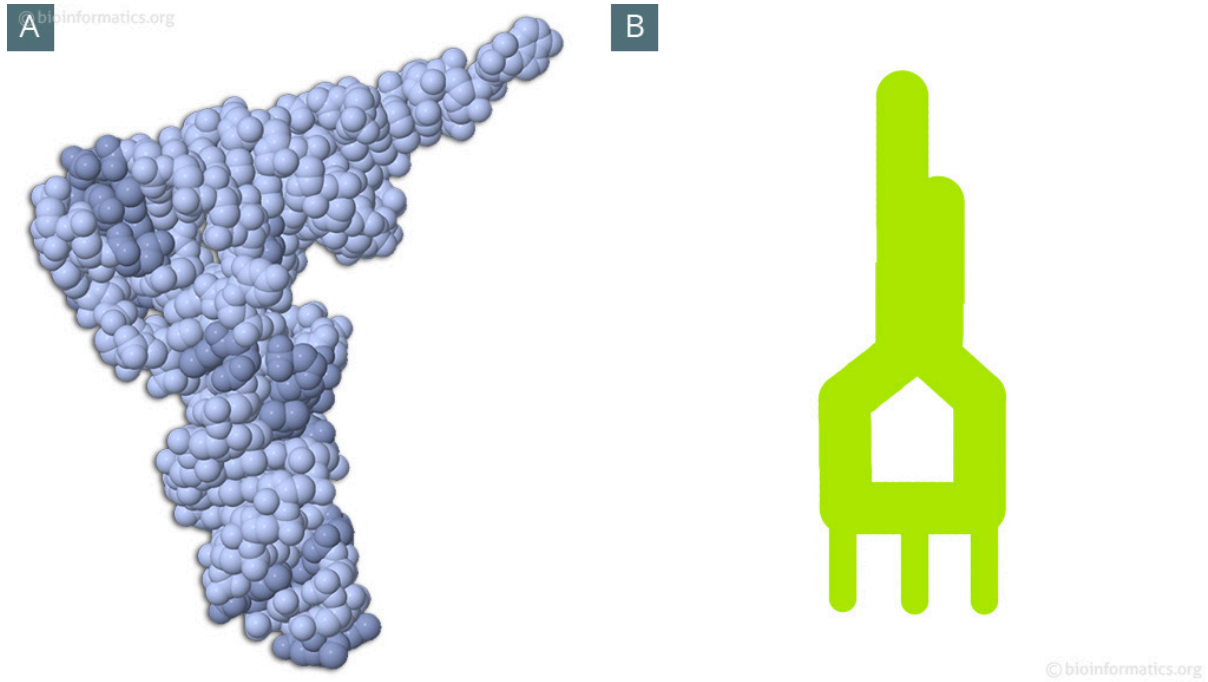
Cząsteczki RNA mierzą na ogół od kilkudziesięciu do kilkuset nukleotydów, są więc znacznie krótsze niż łańcuchy DNA. Cząsteczki RNA ogólnie rzecz biorąc są **jednoniciowe**, ale mogą zawierać fragmenty dwuniciowe (naprzeciwległe zasady są względem siebie komplementarne). Dzięki temu RNA może przybierać różne formy przestrzenne wykazujące odmienną aktywność biologiczną. W komórkach występuje kilka rodzajów RNA:

mRNA (ang. messenger RNA) - informacyjny RNA

tRNA (ang. transfer RNA) - transportujący RNA

rRNA (ang. ribosome RNA) - rybosomowy RNA

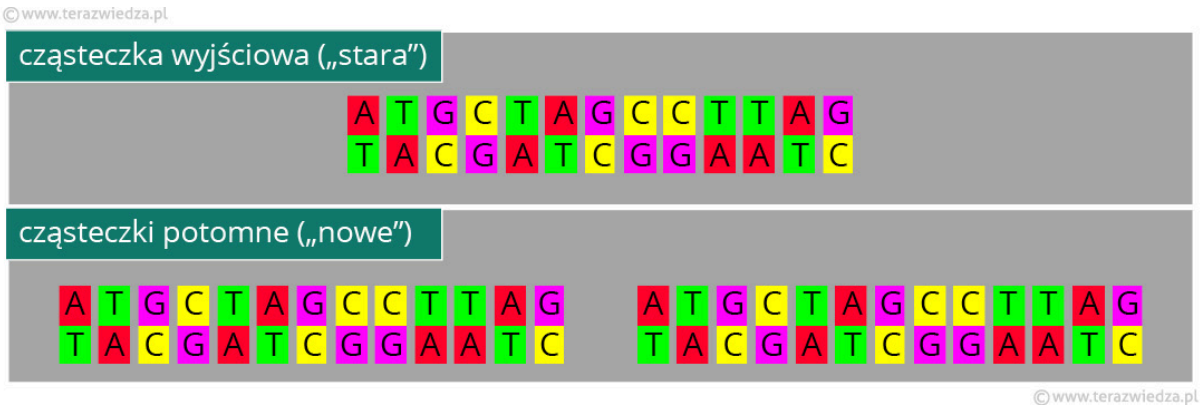
Stabilizowane przez liczne wiązania wodorowe dwuniciowe helisy DNA są podstawowym, trwałym magazynem informacji genetycznej. Cząsteczki RNA są mniej trwałe i pełnią rolę tymczasowych „kserokopii" genów (mRNA), dostarczają aminokwasy do miejsc syntezy białek (tRNA) lub stanowią część molekularnych fabryk budujących białka (rRNA).



Różne modele cząsteczki tRNA (A - przestrzenny, B - dwuwymiarowy)

1.5. Podsumowanie

- Kwasy nukleinowe to wielkocząsteczkowe związki organiczne (biopolimery), złożone z nukleotydów (monomerów).
- Nukleotyd = cukier pięciowęglowy + zasada azotowa + reszta fosforanowa
- Kwas deoksyrybonukleinowy - DNA (najczęściej występuje w formie podwójnej, prawoskrętnej helisy; nici DNA są komplementarne)
- Kwasy rybonukleinowy – RNA (najczęściej występuje w formie pojedynczej nici)
- Elementy wspólne: reszty fosforanowe, zasady azotowe: adenina (A), guanina (G), cytozyna (C)
- Elementy różne: w DNA cukier deoksyryboza i zasada azotowa tymina (T), w RNA cukier ryboza i zasada azotowa uracyl (U)
- Podział DNA ze względu na występowanie: jądrowy DNA (zasadniczy materiał genetyczny komórek eukariotycznych), mtDNA (mitochondrialny DNA), chlDNA (chloroplastowy DNA u glonów i roślin)
- Podział RNA ze względu na funkcje: mRNA (informcyjny RNA; kopia genów, przenosi informację genetyczną o budowie białka na rybosomy), rRNA (składnik rybosomów), tRNA (transportuje aminokwasy do syntezy białek)
- Replikacja DNA – powielanie (kopiowanie) cząsteczek DNA – powstałe cząsteczki DNA zawierają jedną nić macierzystą (starą), drugą potomną (nową) (replikacja semikonserwatywna)



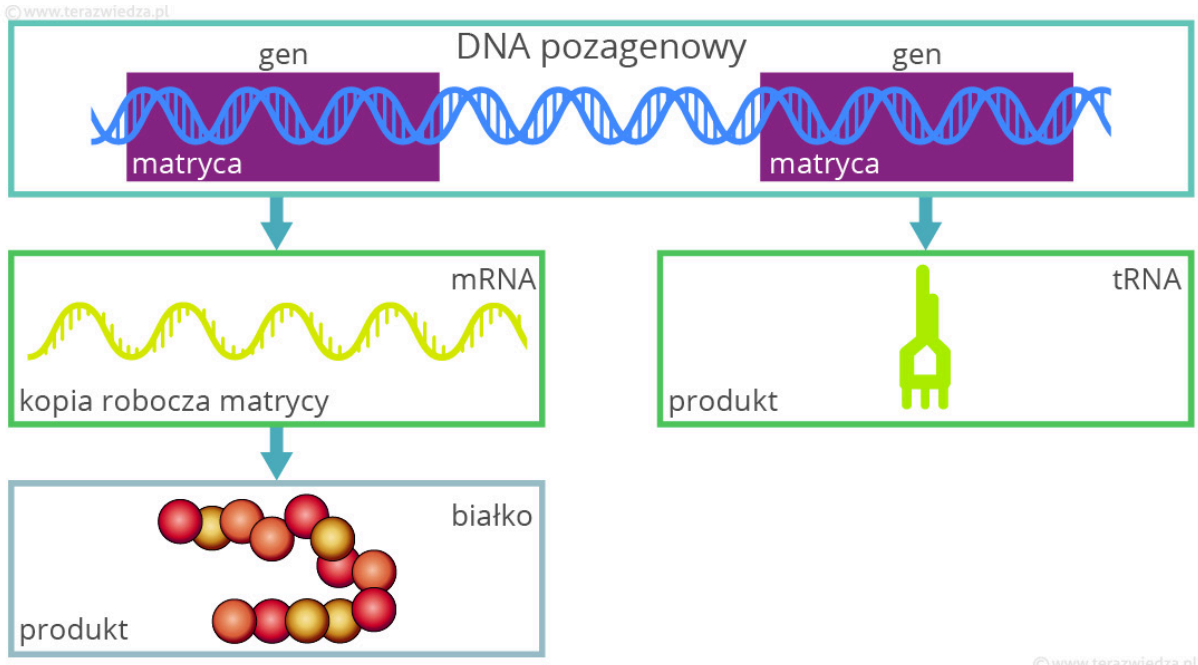
1.6 Polecenia kontrolne

Polecenia kontrolne w postaci pliku pdf możesz pobrać z naszej strony tutaj (wymagane połączenie z internetem).

2. Od genu do genomu

2.1. Geny i DNA pozagenowy

Odcinek DNA zawierający informację o budowie jednego białka lub jednej cząsteczki RNA to **gen**. W pierwszym przypadku produktem „przejściowym" jest mRNA, a produktem końcowym - określone białko. W drugim powstaje cząsteczka kwasu rybonukleinowego (tRNA albo rRNA). Nie wszystkie sekwencje nukleotydów DNA są genami. Badania wykazały, że między genami znajdują się liczne odcinki niekodujące. U prokariontów taki pozagenowy DNA stanowi nie więcej niż 10% całego materiału genetycznego. W komórkach eukariotycznych jest inaczej, sekwencje pozagenowe stanowią nawet 90%. Prawdopodobnie większość odcinków niekodujących nie pełni żadnej funkcji. Część to sekwencje uczestniczące np. we „włączaniu" i „wyłączaniu" genów.



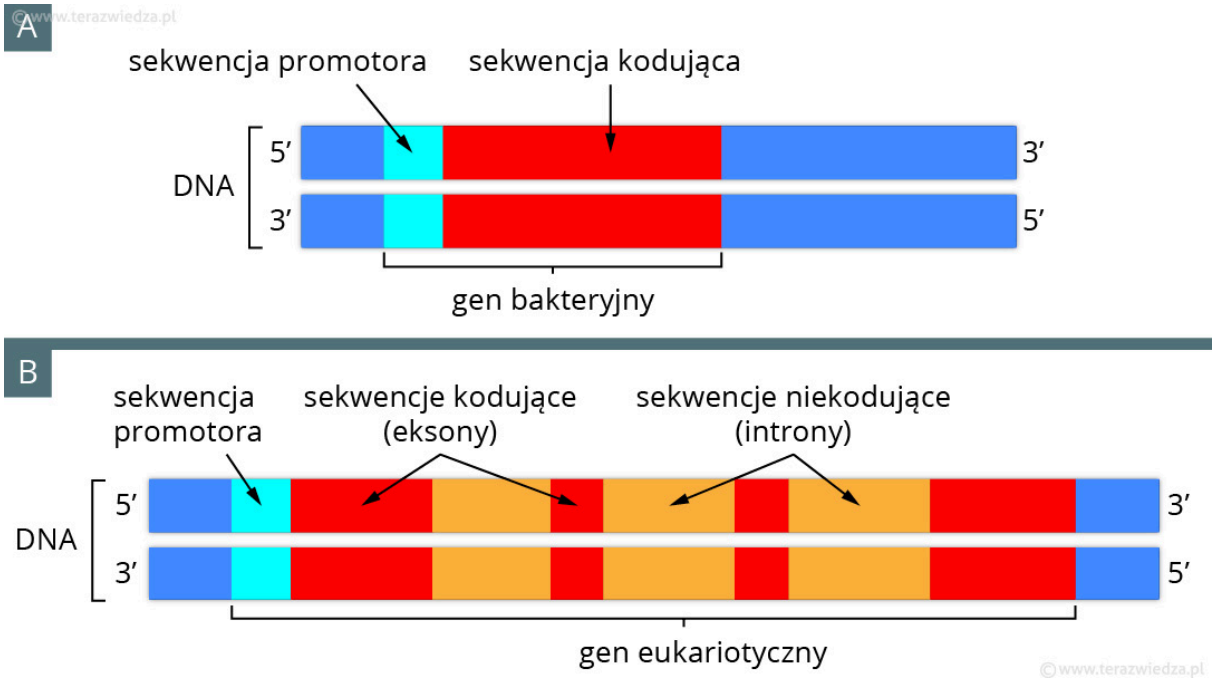
Podstawowe produkty ekspresji genów (z lewej gen kodujący białko, z prawej - kodujący tRNA)

2.2. Struktura genów

Wydaje się logiczne, że wielkość danego genu będzie zależała od tego, jak duże białko ten gen koduje. Rzeczywiście zasadę taką można w prosty

sposób zastosować do genów komórek prokariotycznych. W komórkach eukariotycznych sytuacja przedstawia się inaczej. Dzieje się tak, ponieważ w genach eukariotycznych odcinki kodujące (**eksony**) poprzedzielane są odcinkami niekodującymi (**intronami**). Jeśli więc gen kodujący średniej wielkości białko będzie zawierał długie odcinki intronów, jego długość będzie znacznie większa niż oczekiwana. Przed sekwencjami kodującymi znajdują się odcinki, które nazwano **promotorami**. Są one rozpoznawane przez enzymy przepisujące informację genetyczną z DNA na RNA (por. później - ekspresja genów). Dzięki temu możliwe jest „włączanie" tych genów, które kodują produkty potrzebne komórce do funkcjonowania.

Uwaga: Za genami znajdują się sekwencje terminacyjne (kończące). Dla polimerazy RNA stanowią one sygnał zakończenia procesu przepisywania danego genu. W genach eukariotycznych występują też różne sekwencje regulujące odczyt.

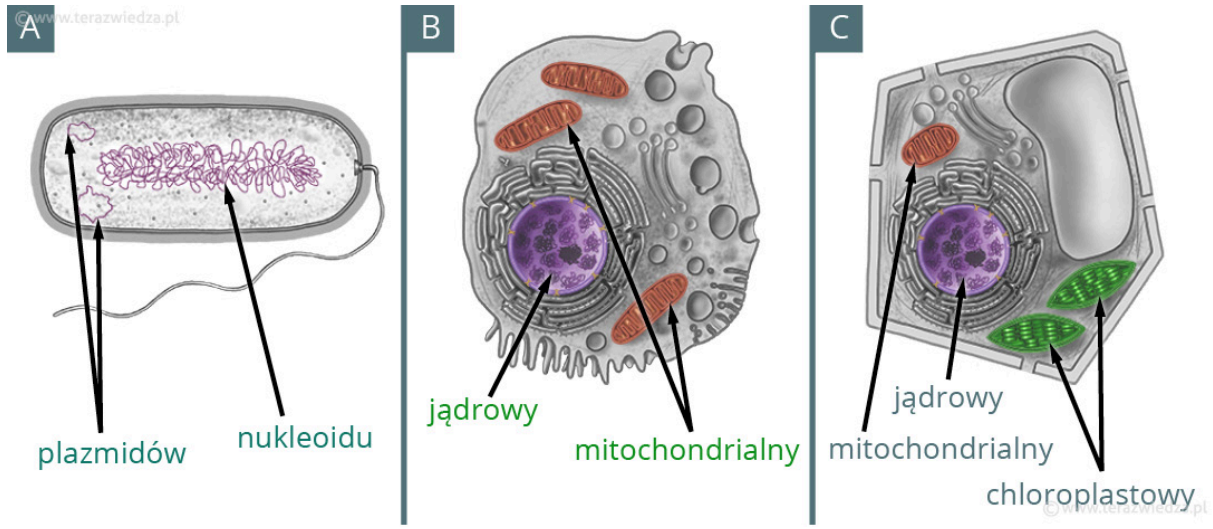


Struktura genu prokariotycznego (A) i genu eukariotycznego (B)

2.3. Genomy i ich wielkość

Kompletny zasób informacji genetycznej zawarty w DNA organizmu stanowi jego **genom**. Genom tworzą więc wszystkie geny i sekwencje pozagenowe.

Genomy komórek prokariotycznych są najmniejsze. Zwykle ich wielkość nie przekracza 5 milionów par zasad (Mpz), a liczba genów jest mniejsza niż 5 tysięcy. Genomy prokariontów mają też najprostszą organizację. Podstawowy zasób informacji genetycznej zawarty jest w pojedynczej, kolistej cząsteczce DNA - **genoforze**. Długość genoforu wielokrotnie przekracza długość komórki, dlatego jego środkowa część związana jest z białkowym rdzeniem. Od rdzenia odchodzą liczne mocno poskręcane pętle DNA. Strukturę taką nazwano chromosomem prokariotycznym. Niewielka liczba „dodatkowych" genów, np. kodujących białka oporności na leki, może znajdować się w małych cząsteczkach **plazmidów**.



Kompletny genom komórki prokariotycznej (A), zwierzęcej (B) i roślinnej (C)

Genomy komórek eukariotycznych są znacznie większe. Najprostsze, jednokomórkowe eukarionty mają kilkanaście Mpz, ale u wielokomórkowców genom może mieć tysiące Mpz. Liczba genów jest większa niż u prokariontów, ale nie o tyle, ile sugerowałaby sama różnica wielkości genomów (u eukariontów dużą część DNA stanowią sekwencje niekodujące). Niemal cały genom eukariontów stanowią liniowe cząsteczki **jądrowego DNA**. Niewielka liczba genów znajduje się w kolistych cząsteczkach DNA mitochondriów (mtDNA) i chloroplastów (chlDNA). Kodują one ważne enzymy procesu oddychania komórkowego i fotosyntezy.

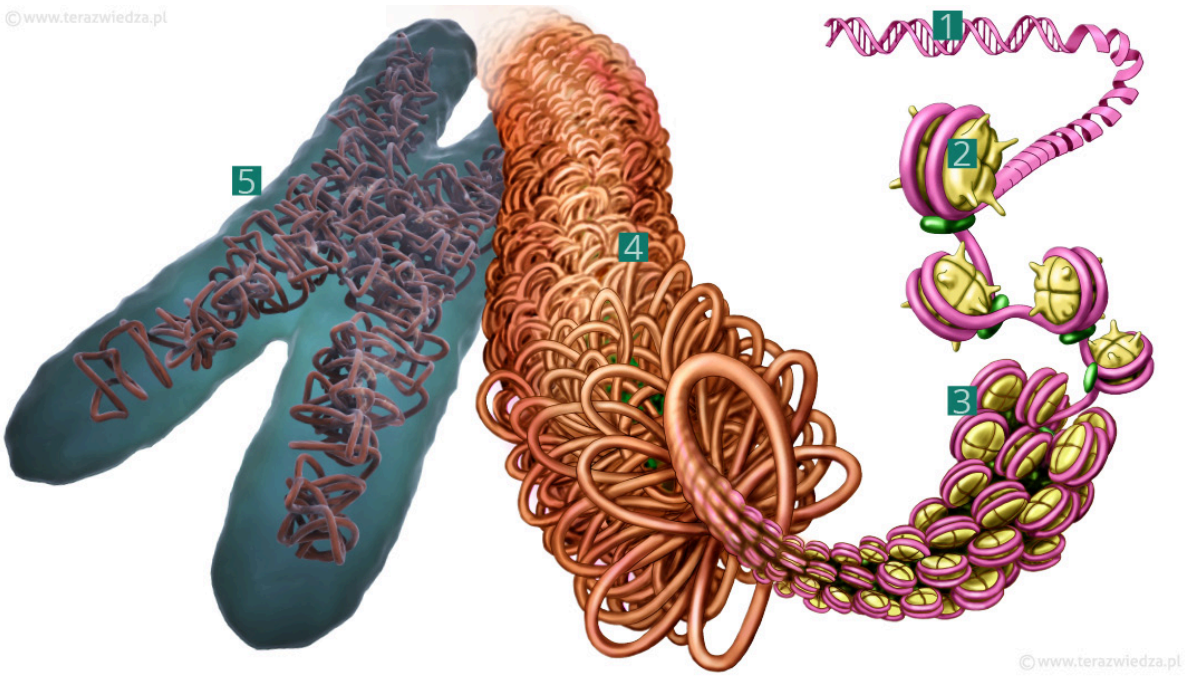
Organizm		Pojedynczy genom (Mpz)	Liczba genów
jednokomórkowce (prokarionty)	*Haemophilus influenzae*	1,8	1700
	E. coli	4,6	4600
	Methanosarcina barkeni	4,8	3600
Saccharomyces cerevisiae (drożdże, grzyb)		12,1	6200
Caenorhabditis elegans (nicień)		100	20500
Arabidopsis thaliana (rzodkiewnik, roślina dwuliścienna)		120	27000
Drosophila melanogoster (muszka owocowa, owad)		165	13700
Orhyza satire (ryż, roślina dwuliścienna)		430	42000
Zea mays (kukurydza, roślina dwuliścienna)		2300	32000
Mus musculus (mysz domowa, ssak)		2600	22000
Homo sapiens		3200	25000

Wielkość genomów. W przypadku człowieka i innych organizmów diploidalnych genom stanowi informacja genetyczna zawarta w pojedynczym (haploidalnym) zestawie chromosomów

2.4. Pakowanie materiału genetycznego

Ze względu na znaczną długość cząsteczki jądrowego DNA zorganizowane są w **chromatynę**. Struktura ta przypomina skomplikowaną plątaninę niezwykle cienkich żyłek z „koralikami". Żyłkami są cząsteczki DNA nawinięte na kompleksy **białek histonowych**. W komórkach przygotowujących się do podziału cząsteczki jądrowego DNA są replikowane, a następnie chromatyna ulega **kondensacji**. Jej nici tworzą **chromosomy**. Każdy chromosom składa się z dwóch identycznych połówek – **chromatyd**. Każda chromatyda zawiera jedną cząsteczkę DNA.

Połączenie DNA z różnymi białkami daje możliwość sterowania odczytem genów i „pakowania" materiału genetycznego w komórce przygotowanej do podziału.



Od cząsteczki DNA do chromosomu - kondensacja materiału genetycznego

1. Podwójna helisa DNA.

2. Nukleosom - odcinek DNA nawinięty na rdzeń zbudowany z białek histonowych (histonów). Nukleosomy są podstawowymi jednostkami fibryli chromatynowych.

3. Rurkowate włókno chromatynowe. Włókna chromatynowe powstają przez spiralne zwinięcie fibryli chromatynowych.

4. Chromatyda - silnie skondensowana postać chromatyny. Dwie identyczne chromatydy tworzą chromosom.

5. W chromosomach DNA jest „skrócony" kilkanaście tysięcy razy.

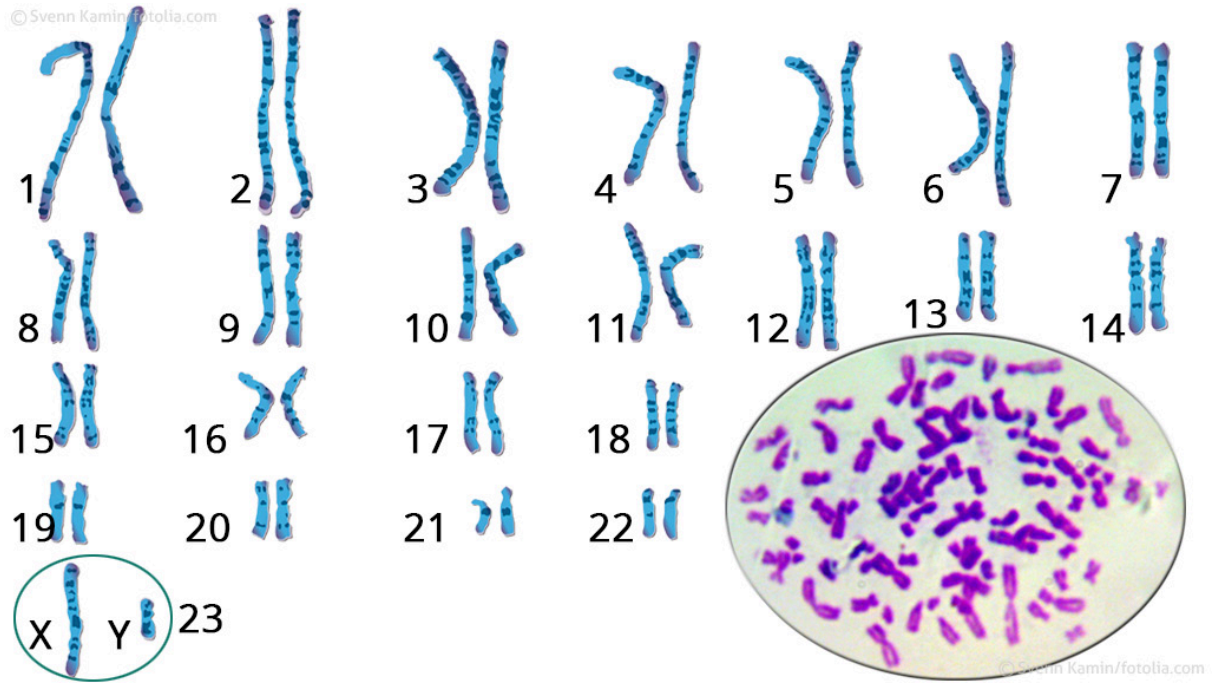
Ciekawe! Interaktywny model nukleosomu możesz obejrzeć **tutaj** (wymagane połączenie z Internetem).

2.5. Liczba chromosomów

Liczba, wielkość i kształt chromosomów są cechami gatunkowymi. Komórki (lub całe organizmy) zawierające podwójny komplet chromosomów są **diploidalne** (2n). W komórkach diploidalnych z każdej pary chromosomów jeden dziedziczony jest po matce, drugi po ojcu. Istnieją także komórki i całe organizmy, które mają pojedynczy komplet chromosomów. Mówimy o nich, że są **haploidalne** (n). Organizmami haploidalnymi (n) są np. niektóre glony i grzyby. W świecie roślin okrytonasiennych częsta jest jeszcze inna sytuacja - pewne gatunki mają

zwielokrotniony garnitur chromosomów, np. 4n. O takich organizmach mówimy, że są **poliploidalne**.

Kompletny zestaw chromosomów komórki somatycznej organizmu to **kariotyp**. W kariotypie wyróżnia się **autosomy** (chromosomy nie różniące się u osobników różnych płci) oraz **chromosomy płci**.



Graficzne przedstawienie kariotypu mężczyzny (2n = 46, XY) - chromosomy wycięte z fotografii preparatu zostały uporządkowane (m.in. wg wielkości oraz układu charakterystycznych prążków), dobrane parami i ponumerowane

2.6. Podsumowanie

- Gen to podstawowa jednostka dziedziczności - odcinek DNA zawierający zakodowaną informację o budowie jednej cząsteczki białka lub kwasu rybonukleinowego.
- Geny prokariotyczne zawierają wyłącznie sekwencje kodujące.
- Geny eukariotyczne zawierają m.in. sekwencje kodujące (eksony) i niekodujące (introny).
- Genom to kompletny zapis informacji genetycznej zawarty w DNA komórki (organizmu) lub wirusa.
- Kompletny genom prokariotyczny tworzy DNA nukleoidu i

plazmidów.

- Kompletny genom eukariotyczny tworzy DNA jądra komórkowego i mitochondriów (w komórkach roślinnych oraz glonów także DNA chloroplastów).
- Cząsteczki DNA jądrowego tworzą chromatynę, która bezpośrednio przed i w czasie podziału komórek organizuje się w chromosomy. Chromosomy zbudowane są z dwóch chromatyd.
- Kompletny zestaw chromosomów to kariotyp. Kariotyp tworzą autosomy i chromosomy płci.

2.7. Polecenia kontrolne

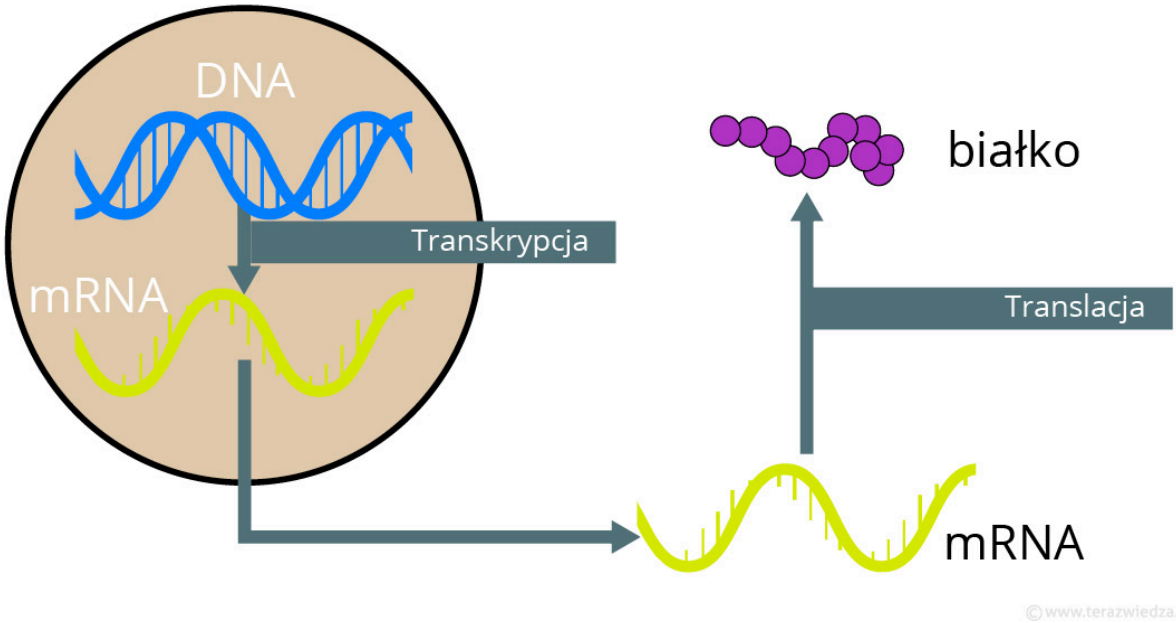
Polecenia kontrolne w postaci pliku pdf możesz pobrać z naszej strony tutaj (wymagane połączenie z internetem).

3. Od genu do cechy

3.1. Wprowadzenie

Cechy danego organizmu wynikają bezpośrednio z tego, jaki ma on „zestaw” **białek**. Taki zestaw tworzą tysiące białek, które różnią się budową, właściwościami i rolą biologiczną. Cząsteczki białek tak, jak cząsteczki kwasów nukleinowych są łańcuchowymi polimerami, jednak podjednostkami budulcowymi są w nich **aminokwasy** połączone **wiązaniami peptydowymi**. O właściwościach każdego białka decyduje liczba, rodzaj i kolejność ułożenia aminokwasów. Można więc oczekiwać, że w komórkach musi istnieć sposób pozwalający na syntezę białek „aminokwas po aminokwasie”, zgodnie z informacją zawartą w genach. Informację genetyczną można porównać do archiwum, które zawiera instrukcje budowy wszystkich ważnych części samochodu. Dopiero wówczas, gdy je zbudujemy i złożymy, otrzymamy kompletny, działający pojazd. Poznajmy zatem komórkowy proces produkcji kluczowych „części” komórki, czyli białek. Ściślej zaś mówiąc, prześledźmy **ekspresję genów** kodujących białka. Przebiega ona w dwóch etapach. Etap pierwszy to „przepisanie”, czyli **transkrypcja** informacji z DNA na mRNA. Etap drugi to „przetłumaczenie” – **translacja** – sekwencji nukleotydów mRNA na sekwencję aminokwasów w białku.

©www.terazwiedza.pl



Ogólny mechanizm ekspresji genu kodującego białko (w komórce eukariotycznej)

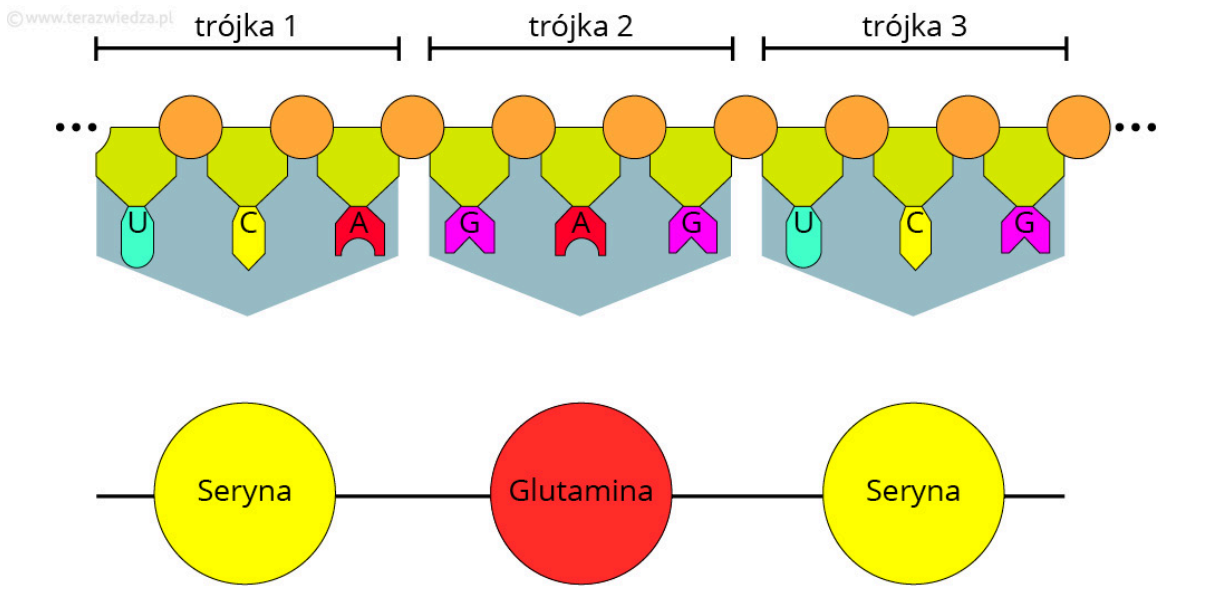
W uproszczeniu: gen = informacja, białko = cecha

3.2. Kod genetyczny

W komórkach proces syntezy każdego białka opiera się na prostych, całkowicie powtarzalnych regułach zapisu i odczytu informacji genetycznej. Nazwano je **kodem genetycznym**. Do opisu kodu genetycznego wystarczy sześć słów: trójkowy, niezachodzący, bezprzecinkowy, jednoznaczny, zdegenerowany i uniwersalny.

- Kod genetyczny jest trójkowy

Mając do „dyspozycji" tylko 4 różne nukleotydy (A, T, G, C) komórki muszą zakodować informację o 20 różnych aminokwasach. To dlatego kod genetyczny jest **trójkowy** – trzy kolejne nukleotydy jednej nici DNA, czyli **kodon**, są informacją o jednym aminokwasie. Liczba możliwych trójkowych kombinacji czterech nukleotydów wynosi 64 (4 x 4 x 4). Dla porządku dodajmy, że kod dwójkowy pozwoliłby zakodować tylko 16 aminokwasów (4 x 4 = 16). Obrazowo można więc powiedzieć, że molekularne „słowa" kodu genetycznego zawsze są trójliterowe.



Trzy kolejne nukleotydy tworzą kodon

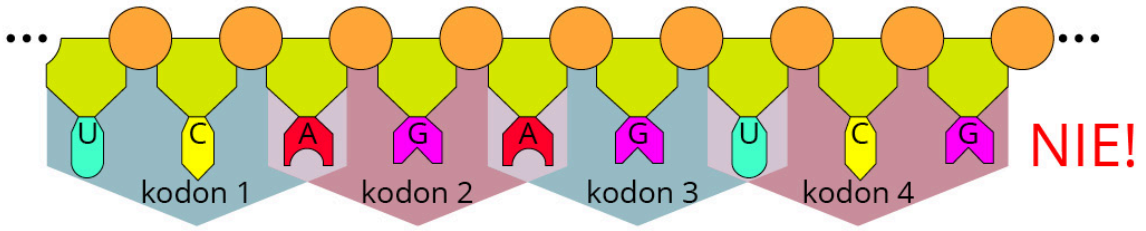
©www.terazwiedza.pl

Uwaga: w tabelach i na schematach najczęściej przestawiane są kodony RNA. To nie błąd tylko celowe ułatwienie wynikające z tego, że w procesie translacji wykorzystywany jest mRNA, a nie DNA. Oczywiście znając mechanizm transkrypcji i komplementarne kodony RNA, możemy łatwo „odtworzyć" kodony DNA.

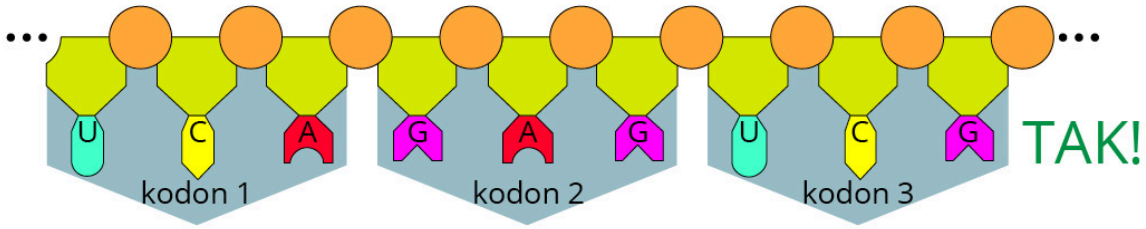
- Kod genetyczny jest niezachodzący

Kodony **nie zachodzą** na siebie, co oznacza, że każdy nukleotyd wchodzi w skład tylko jednego kodonu. Na przykład w sekwencji 9 nukleotydów: UCAGAGUCG (por. graficzne przedstawienie cech kodu genetycznego) można zakodować dokładnie 3 aminokwasy. Gdyby kodony nakładały się częściowo na następny kodon, np. 3. nukleotyd jednego kodonu byłby 1. nukleotydem kolejnego, wówczas sekwencja 9 nukleotydów dałaby możliwość zakodowania aż 4 aminokwasów. Jednak takie rozwiązanie narzuca istotne ograniczenie. Pierwsza „litera" następnego kodonu zawsze jest określana przez ostatnią „literę" poprzedniego.

©www.terazwiedza.pl



Ostatni nukleotyd jednego kodonu jest pierwszym następnego, itd.



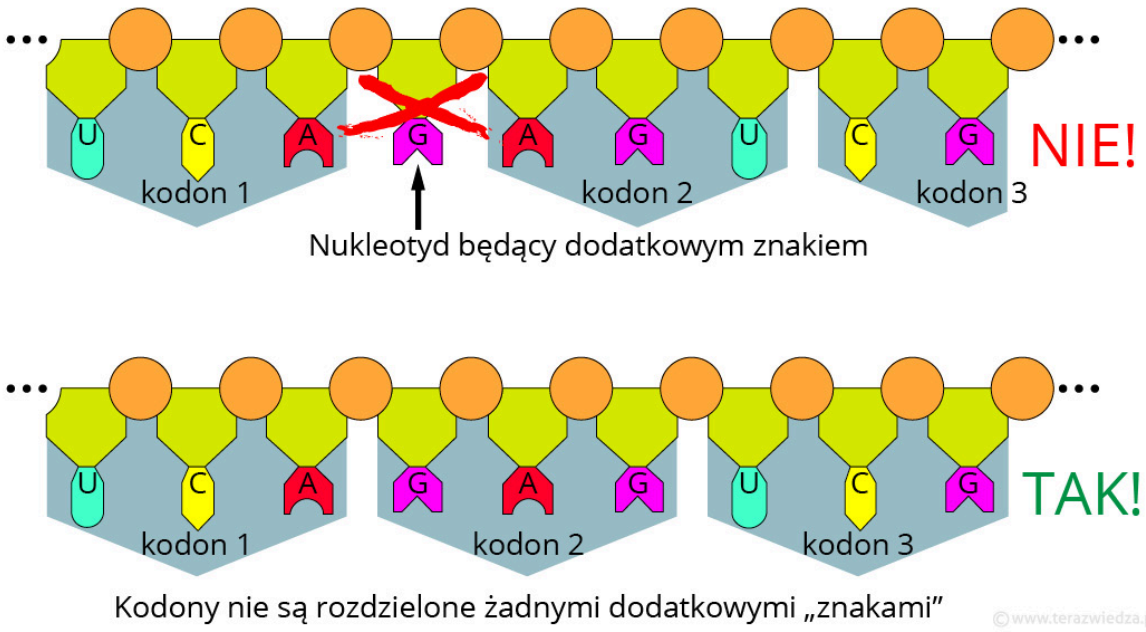
Kodony nie współdzielą nukleotydów!

©www.terazwiedza.pl

- Kod genetyczny jest bezprzecinkowy

Kolejne kodony „przylegają” do siebie i nie są rozdzielone ani „nukleotydami-przecinkami” ani żadnymi innymi cząsteczkami. Można też powiedzieć, że każdy nukleotyd w obrębie sekwencji kodującej wchodzi w skład jakiegoś kodonu.

©www.terazwiedza.pl



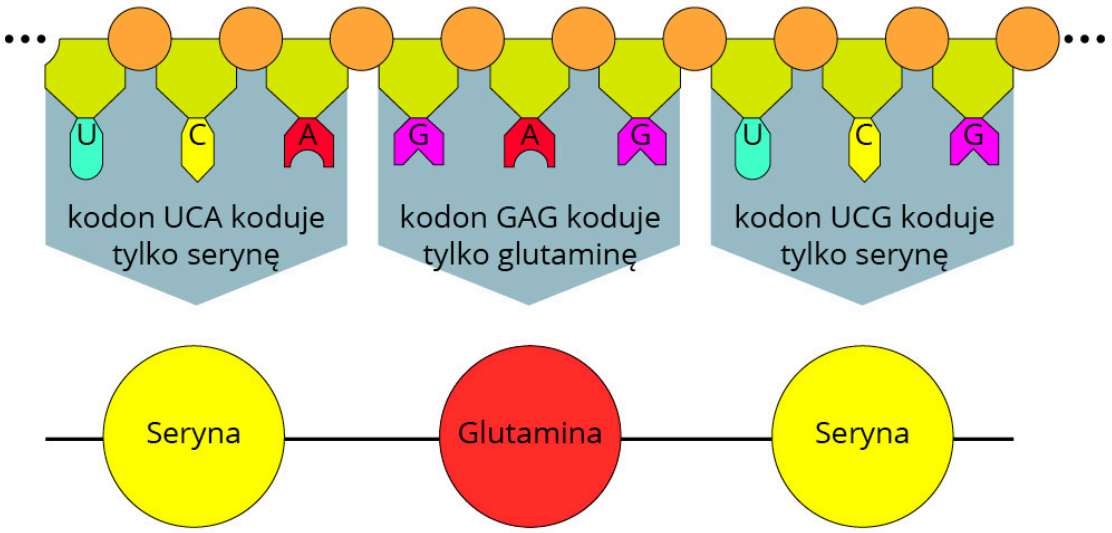
©www.terazwiedza.pl

- Kod genetyczny jest jednoznaczny

Tu sprawa jest prosta - **danej trójce nukleotydów DNA lub RNA odpowiada zawsze tylko jeden aminokwas**. Zasada jednoznaczności jest kardynalna i można ją podsumować następująco: jeśli nie nastąpi jakiś błąd odczytu, dany ciąg kodonów (sekwencja nukleotydów) zawsze daje w efekcie ten sam określony ciąg aminokwasów, czyli takie same białko lub łańcuch polipeptydowy. Niejednoznaczny kod powodowałby, że organizmy syntetyzowałyby różne białka, wykorzystując tę samą matrycę DNA. Los takich organizmów łatwo przewidzieć.

Uwaga: pomijamy tu splicing alternatywny. Zagadnienie to omówimy w kursie biologii rozszerzonej.

©www.terazwiedza.pl



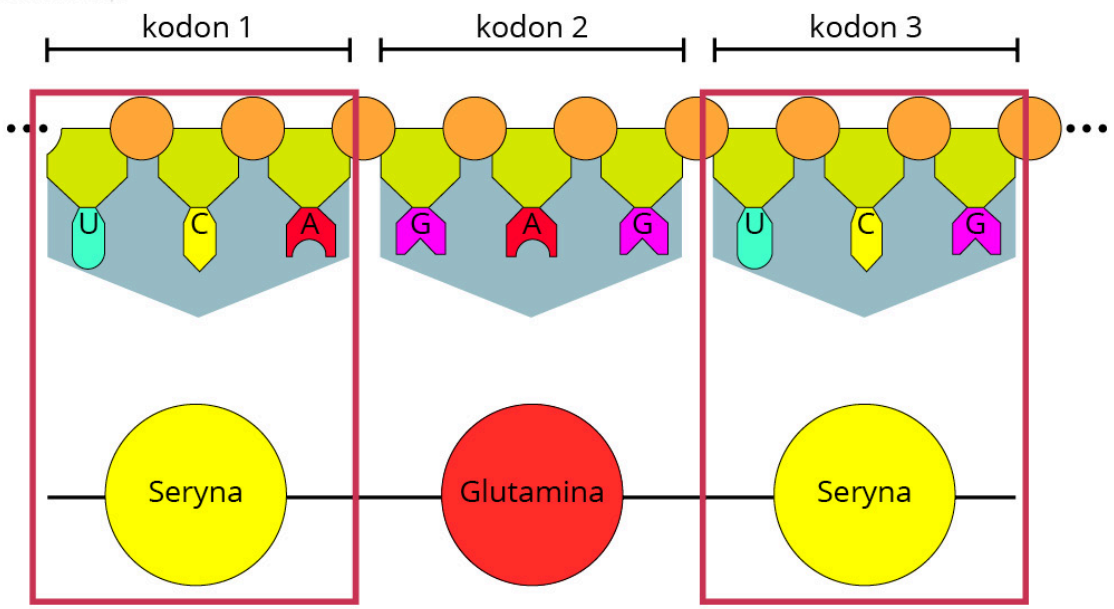
Dany kodon koduje tylko i wyłącznie jeden rodzaj aminokwasu

©www.terazwiedza.pl

- Kod genetyczny jest zdegenerowany

Ta cecha kodu wynika z jego „nadmiarowości”. Jak wiesz, kod trójkowy daje możliwość kodowania 64 aminokwasów, podczas gdy ich liczba jest trzykrotnie mniejsza. W praktyce oznacza to, że dwa, trzy a nawet **więcej różnych kodonów może kodować ten sam aminokwas**. Na przykład aminokwas histydyna kodowany jest przez 2 różne kodony: CAU i CAC, leucyna zaś kodowana jest przez 4 kodony: CUU, CUC, CUA i CUG.

©www.terazwiedza.pl



Różne kodony mogą kodować ten sam aminokwas

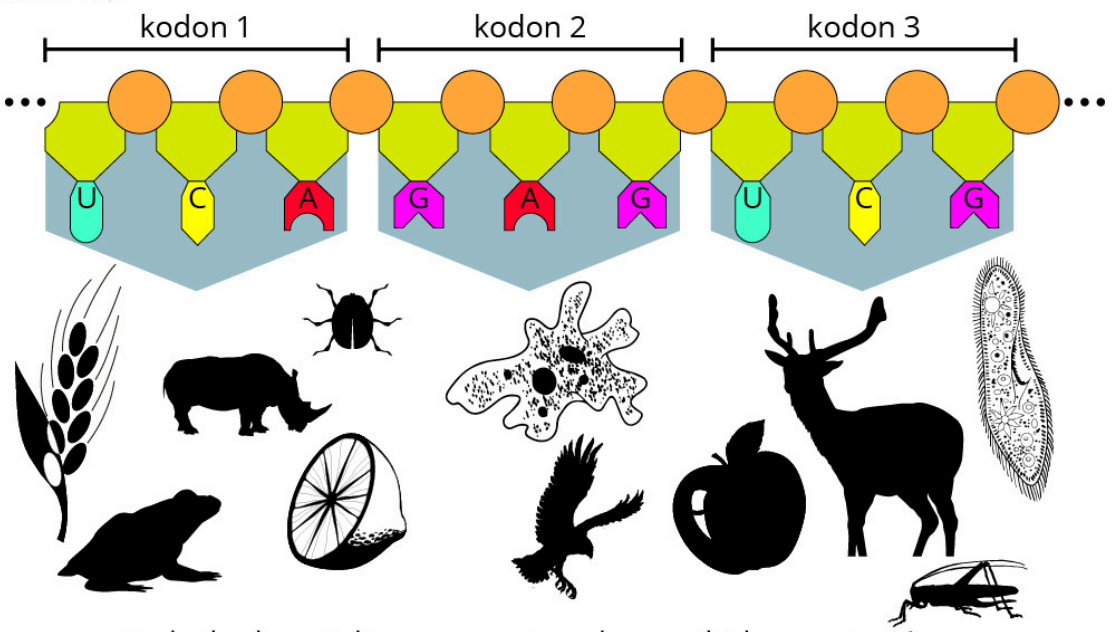
©www.terazwiedza.pl

Analizując tabele kodu genetycznego, zwróć uwagę, że większość trójek kodujących ten sam aminokwas różni się tylko ostatnim nukleotydem („literą"). Dzięki temu część drobnych zmian informacji genetycznej powstałych w wyniku mutacji nie znajduje swojego odbicia w sekwencji aminokwasów.

- Kod genetyczny jest uniwersalny

W niemal wszystkich organizmach **zasady kodowania są identyczne** – mówimy więc, że kod genetyczny jest uniwersalny. Co prawda, na przykład w mitochondriach kodon UAA nie wyznacza końca syntezy łańcucha białkowego (nie jest kodonem STOP), lecz koduje tryptofan, ale jest to jeden z nielicznych wyjątków o niewielkim znaczeniu.

©www.terazwiedza.pl



Cechy kodu są takie same u niemal wszystkich organizmów

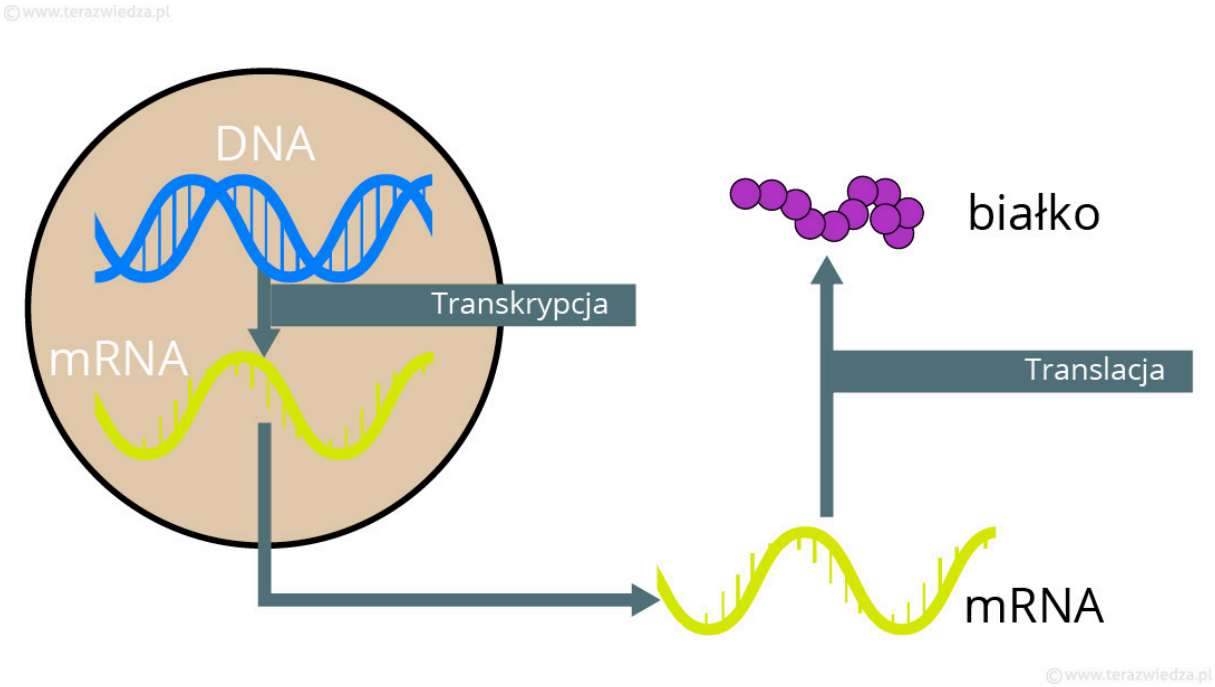
©www.terazwiedza.pl

3.3. Transkrypcja (od DNA do mRNA)

Przejdźmy teraz do pierwszego etapu **ekspresji informacji genetycznej**. Podczas **transkrypcji** powstaje robocza kopia genu w postaci **mRNA**. Tworzenie kopii roboczej ma kilka ważnych zalet. Po pierwsze kopia jest cząsteczką jednoniciową, łatwą do „odczytania", w cząsteczce dwuniciowej zasady azotowe są „zablokowane". Po drugie jednoniciowa kopia jest też z natury mniej trwała i komórka może się jej łatwo pozbyć. Po trzecie wykorzystywanie kopii zmniejsza ryzyko uszkodzenia właściwej matrycy, czyli DNA (biolodzy mówią czasem, że kod genetyczny ma charakter pośredni - matryce DNA nigdy nie są bezpośrednio wykorzystywane do „układania" aminokwasów).

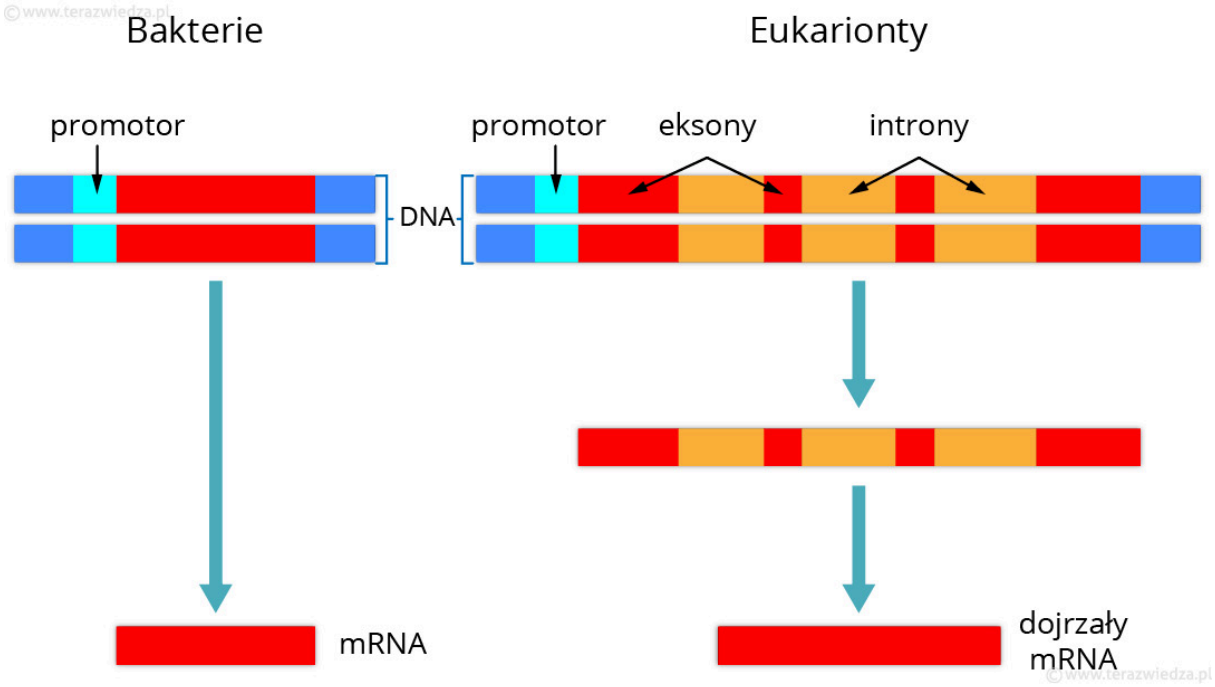
We wszystkich typach komórek molekularny mechanizm transkrypcji jest bardzo podobny (choć nie identyczny). Odpowiedni enzym odnajduje sekwencję promotora i rozplata lokalnie helisę DNA. Następnie enzym polimeraza RNA wykorzystuje jeden z łańcuchów DNA do syntezy nici mRNA. Kolejność włączanych rybonukleotydów jest zdeterminowana przez nukleotydy DNA (zgodnie z zasadą komplementarności). Powstający łańcuch nukleotydów mRNA rozwijany jest w kierunku od 5' do 3'. Polimeraza RNA przesuwa się aż do sekwencji wyznaczającej koniec transkrypcji, po czym odłącza się. DNA samorzutnie przyjmuje postać

podwójnej helisy.



Ogólna zasada transkrypcji

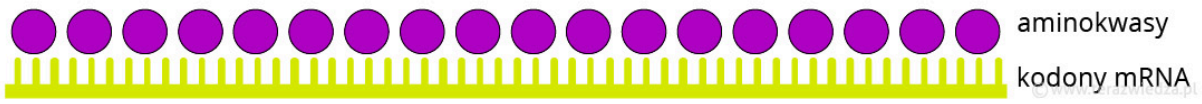
U bakterii produkt transkrypcji już po niewielkiej obróbce jest gotowy do wykorzystania. W komórkach eukariotycznych sytuacja jest nieco inna. Powstający mRNA zawiera zarówno sekwencje eksonów, jak i intronów. Jest więc rozcinany i introny zostają usunięte. Sekwencje eksonowe są następnie łączone w jedną cząsteczkę dojrzałego mRNA (proces nazwano składaniem genu, czyli **splicingiem**). Dojrzewanie mRNA tak, jak sama transkrypcja, zachodzi w jądrze komórkowym. Na koniec zwróćmy jeszcze uwagę, że transkrypcja pod pewnymi względami przypomina replikację. Dokładność (wierność) procesu transkrypcji wynika zaś z tego, że nukleotydy kopii roboczej genu (czyli cząsteczki mRNA) są komplementarne do nukleotydów matrycy (czyli odcinka DNA).



Mechanizm transkrypcji. Zwróć uwagę na usuwanie intronów u Eukariontów

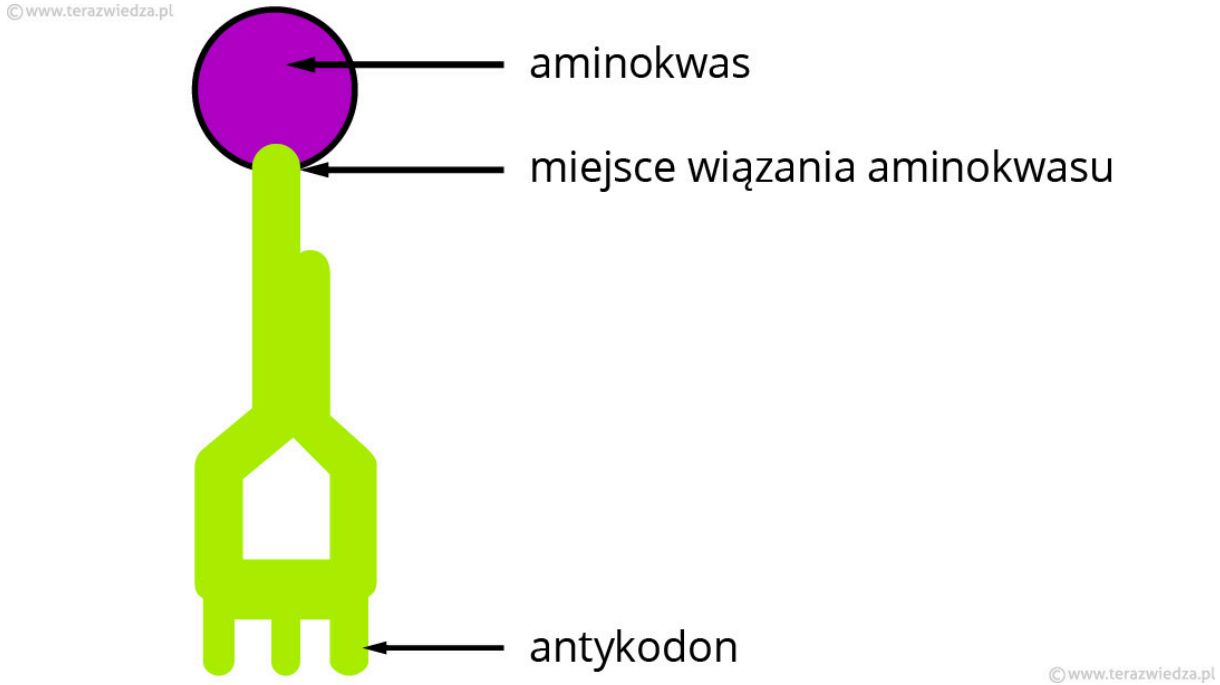
3.4. Translacja - wprowadzenie

Przejdźmy teraz do właściwej syntezy białka – translacji. Na początek zauważmy, że aminokwasy nie są dostawiane bezpośrednio do kodonów mRNA (w celach demonstracyjnych takie rozwiązanie pokazaliśmy jednak na rycinie poniżej).



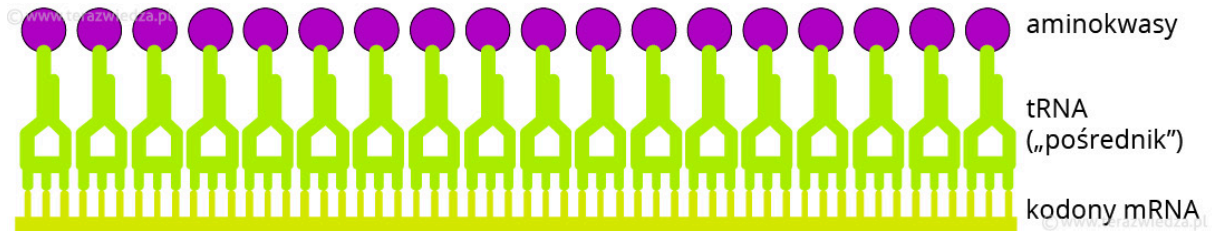
Sytuacja nieistniejąca – synteza łańcucha aminokwasów bezpośrednio na nici mRNA

Oznacza to, że komórki zmuszone są do korzystania z usług „pośrednika” - jego rolę pełni tRNA (transportujący RNA; por. rozdz. 1.3). Każda cząsteczka tRNA z jednej strony ma **antykodon** - specjalną trójkę nukleotydową rozpoznającą kodon mRNA. Z drugiej strony ma miejsce, do którego przyłącza określony aminokwas.



Cząsteczka tRNA z dołączonym aminokwasem

Istotę translacji moglibyśmy wówczas sprowadzić do układania kolejnych cząsteczek pośrednika wzdłuż mRNA i łączenia ze sobą sąsiednich aminokwasów (por. rycina poniżej).



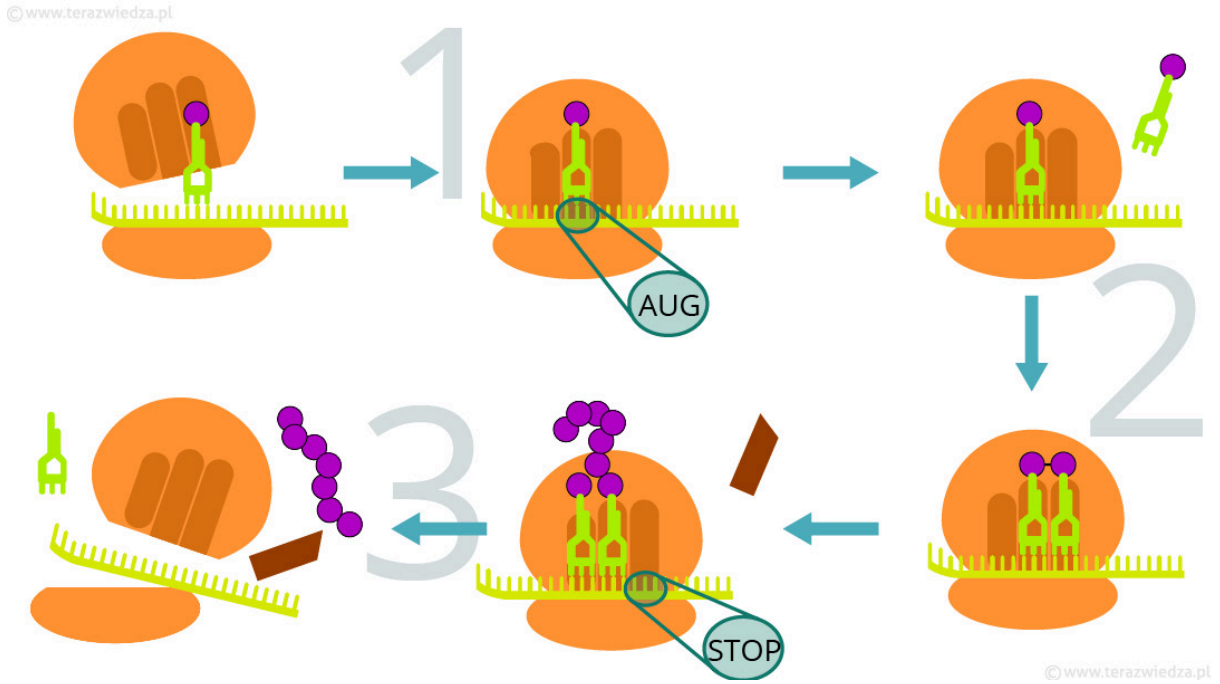
Sytuacja nieistniejąca – synteza łańcucha aminokwasów bezpośrednio w cytozolu

W rzeczywistości w komórkach nie ma dość miejsca, aby zrealizować taki „scenariusz". Proces translacji zachodzi więc z udziałem tRNA, ale niejako krok po kroku na rybosomach (na raz dostarczany jest tylko jeden aminokwas). Każdy rybosom składa się z dwóch podjednostek. Mogą one utworzyć kompleks z mRNA nazywany obrazowo molekularną fabryką białek. To jej zadaniem będzie „tłumaczenie", tzn. odczytywanie, jeden po drugim kolejnych kodonów mRNA i łączenie ze sobą dostarczanych aminokwasów.

Sytuacja faktyczna – synteza łańcucha aminokwasów z udziałem tRNA na rybosomie

3.5. Przebieg translacji (od mRNA do białka)

Zapoczątkowanie **translacji** polega na złożeniu w całość kompleksu rybosom-mRNA. Ponadto w początkowej fazie mRNA przesuwa się względem rybosomu aż kodon startowy - trójka AUG - zajmie odpowiednią pozycję. Trójkę startową rozpoznaje antykodon cząsteczki tRNA „załadowanej" aminokwasem metioniną. Na rybosomie „mieści się" jeszcze jeden kodon mRNA. Do tej trójki nukleotydów może dołączyć kolejny tRNA z aminokwasem (o ile jego antykodon jest komplementarny z drugim kodonem mRNA). Metionina zostaje wówczas oddzielona od „swojego" tRNA i łączy się z drugim aminokwasem wiązaniem peptydowym (reakcję syntezy przeprowadza część podjednostki większej rybosomu). Teraz mRNA przesuwa się względem rybosomu o jeden kodon. Pozbawiony aminokwasu tRNA jest uwalniany do cytoplazmy, a do kodonu, który nasunął się na rybosom, przyłącza się kolejny tRNA (z trzecim aminokwasem). Może więc powstać wiązanie między drugim i trzecim aminokwasem. Następuje kolejne przesunięcie, uwolnienie wykorzystanego tRNA, dołączenie tRNA z czwartym aminokwasem i wytworzenie wiązania peptydowego. Cykl taki powtarza się tak długo aż na rybosom nasunie się kodon STOP, czyli trójka nukleotydów mRNA, która niczego nie koduje. Jest to sygnał zakończenia translacji. Do kodonu STOP przyłączają się białka powodujące rozpad kompleksu mRNA-rybosom-łańcuch aminokwasów.

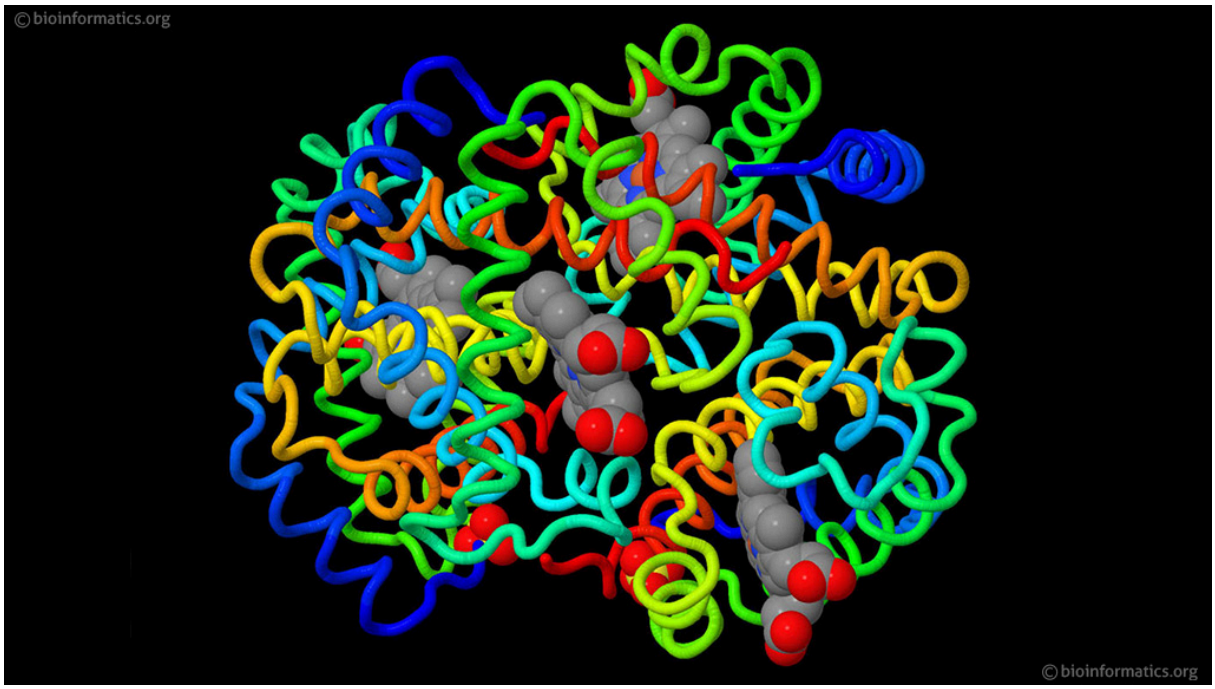


Przebieg translacji (1 - początek translacji, 2 - dołączanie aminokwasów, 3 - zakończenie translacji)

Podsumowując: podstawowym produktem translacji jest łańcuch aminokwasów, a ściślej polipeptyd.

3.6. Hemoglobina

Przykładem ważnej cechy człowieka wynikającej z obecności jednego białka - hemoglobiny – jest zdolność do przenoszenia tlenu we krwi. Hemoglobina jest bardzo dużą cząsteczką zbudowaną z czterech długich łańcuchów polipeptydowych. Każdy łańcuch połączony jest z jedną cząsteczką hemu. Hem zawiera atom żelaza, odpowiedzialny za nietrwałe wiązanie cząsteczki tlenu. Powstanie aktywnej hemoglobiny wymaga nie tylko ekspresji dwóch genów kodujących łańcuchy polipeptydowe, ale także licznych potranslacyjnych modyfikacji. Polegają one m.in. na przyłączeniu grup hemowych. Dopiero gdy łańcuchy zwiną się (przyjmą odpowiednią postać przestrzenną) i połączą, utworzą funkcjonującą hemoglobinę.



Cząsteczka hemoglobiny

3.7. Tabela kodu genetycznego

Na poprzednich stronach wykazaliśmy, że cechy kodu genetycznego i mechanizm biosyntezy białka dają niemal całkowitą pewność, że informacja zapisana w sekwencji nukleotydów każdego genu zostanie sprawnie odczytana i precyzyjnie zamieniona na sekwencję aminokwasów w białku. Prostotę kodu genetycznego wykorzystano tworząc tzw. **tabele kodu genetycznego**. Zawierają one wszystkie trójki kodujące aminokwasy (w tym trójkę AUG metioniny - kodon startowy) oraz trzy trójki, które niczego nie kodują (trójki: UAA, UAG i UGA - kodony STOP). Sposób zapisu diagramów powoduje, że trójki można łatwo odczytywać. Kodony są zawsze przedstawiane w takiej postaci, w jakiej występują w mRNA.

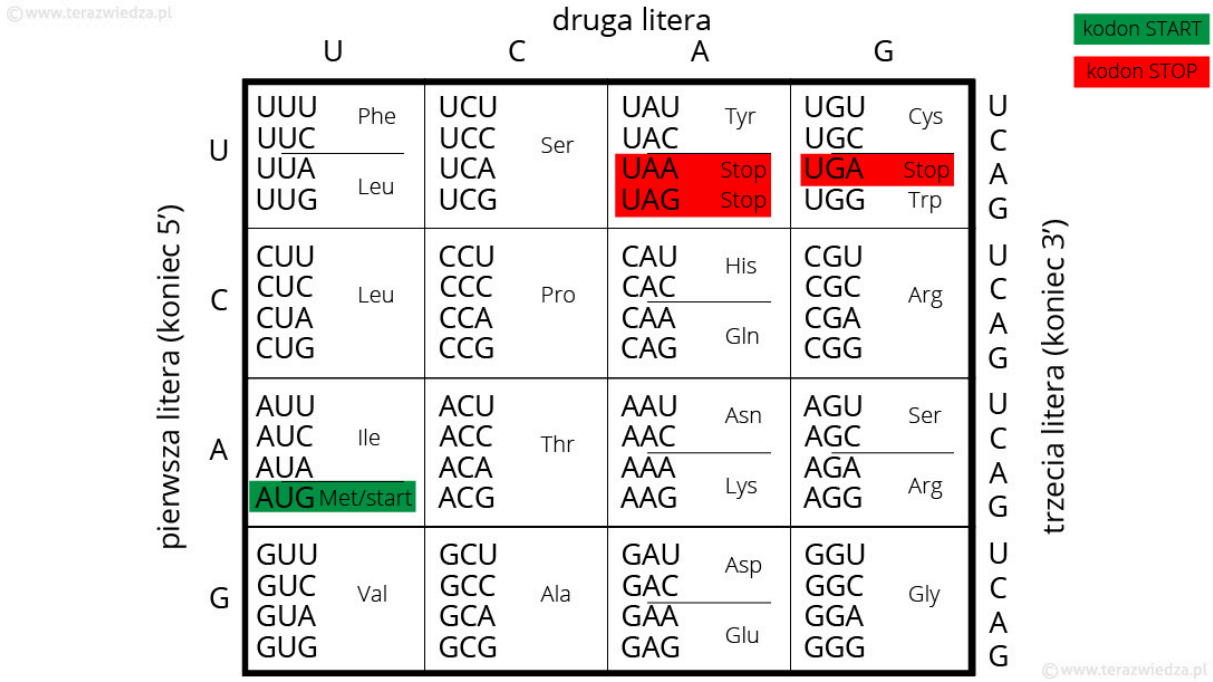


Tabela kodu genetycznego - wygląd klasyczny

3.8. Podsumowanie

- Kod genetyczny to reguły zapisu informacji genetycznej - określają one, w jaki sposób sekwencja nukleotydów DNA (u wirusów może to być RNA) determinuje sekwencję aminokwasów w białkach.
- Cechy kodu genetycznego:
  - trójkowy: jeden aminokwas jest kodowany przez trójkę nukleotydów, tzw. kodon,
  - uniwersalny: sposób kodowania jest jednakowy u wszystkich organizmów,
  - zdegenerowany: jeden aminokwas może być kodowany przez więcej niż jeden kodon,
  - niezachodzący: trójki nukleotydów nie zachodzą na siebie,
  - jednoznaczny: każda trójka nukleotydów koduje tylko jeden rodzaj aminokwasu,
  - bezprzecinkowy: kodony nie są w żaden sposób od siebie oddzielone.
- Ogólny mechanizm ekspresji genów kodujących białko:

- Transkrypcja: (DNA na mRNA) - kopiowanie sekwencji nukleotydów z jednej nici cząsteczki DNA na sekwencję nukleotydów informacyjnego RNA (zgodnie z regułą komplementarności). Zachodzi w cytoplazmie (u prokariontów) lub w jądrze komórkowym (u eukariontów).
- Translacja (mRNA na białko) - synteza białka o określonej sekwencji aminokwasów zapisanej w układzie nukleotydów mRNA. Przebiega w cytoplazmie na rybosomach.

3.9. Polecenia kontrolne

Polecenia kontrolne w postaci pliku pdf możesz pobrać z naszej strony tutaj (wymagane połączenie z internetem).

4. Podstawy genetyki klasycznej

4.1. Wprowadzenie

Podwaliny współczesnej genetyki stworzył w XIX w. czeski zakonnik **Gregor Mendel**. Badacz ten wykazał istnienie materialnych czynników odpowiadających za dziedziczenie cech. Nazwał je zawiązkami cech. Dzisiaj wiemy, że są to **geny**, czyli odcinki DNA. Warianty genów, które warunkują przeciwstawność danej cechy, to **allele**. Kiedy zapisujemy symbole alleli, określamy **genotyp** danego organizmu. Zapisując obserwowane cechy osobnika, określamy jego **fenotyp**.

©www.terazwiedza.pl

©www.terazwiedza.pl

Mendel wykazał m.in., że organizmy rozmnażające się płciowo dziedziczą materialne zawiązki cech po obu rodzicach

Oba pojęcia: genotyp oraz fenotyp można odnieść zarówno do pojedynczych genów (cech), jak i ich ogółu. Wówczas genotyp oznacza zespół wszystkich genów danego organizmu, fenotyp – ogół możliwych do zaobserwowania cech danego organizmu (np. u grochu barwa kwiatów, u człowieka wzrost, waga, kolor włosów, kształt nosa, grupa krwi itd.). Zauważmy, że jeden osobnik może być homozygotą dominującą względem pewnych cech, heterozygotą względem innych, a homozygotą recesywną względem jeszcze innych (np. groch o genotypie AABbcc – roślina o

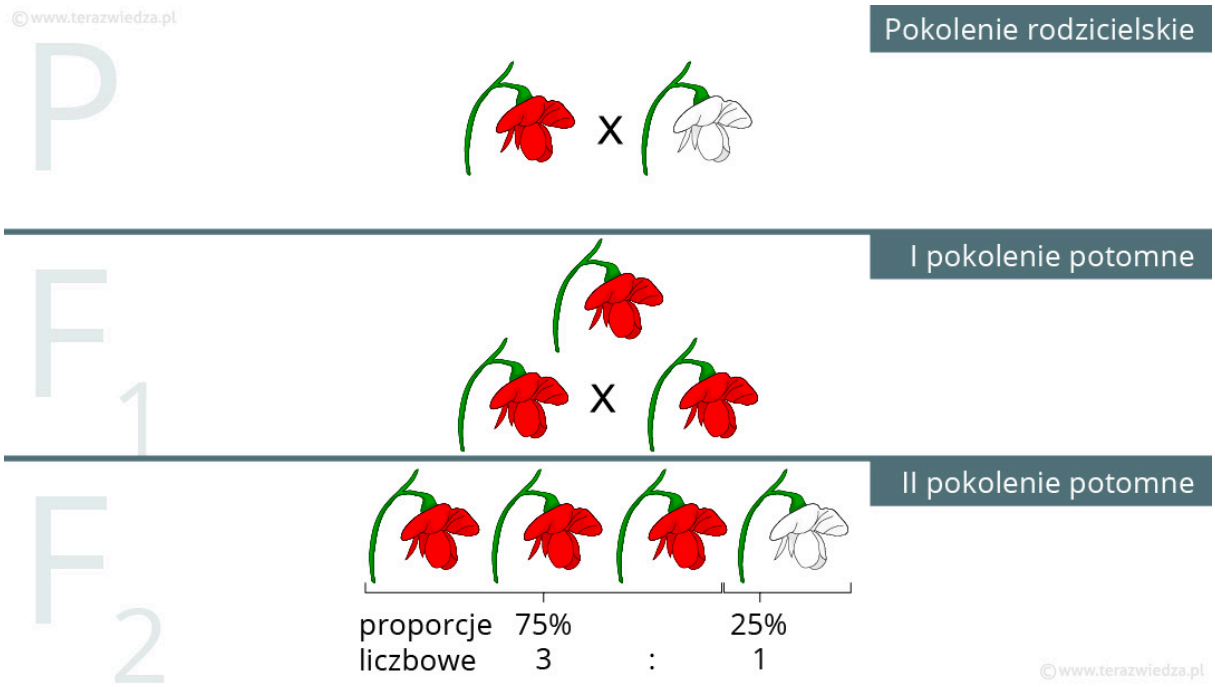
kwiatach czerwonych, żółtych nasionach i niskim pędzie).

Ciekawa prezentacja krzyżówek Mendla (ogród botaniczny w Essen)

Uwaga: opisane na kolejnych stronach ogólne zasady dziedziczenia odnoszą się do wszystkich organizmów.

4.2. Prace i osiągnięcia G. Mendla

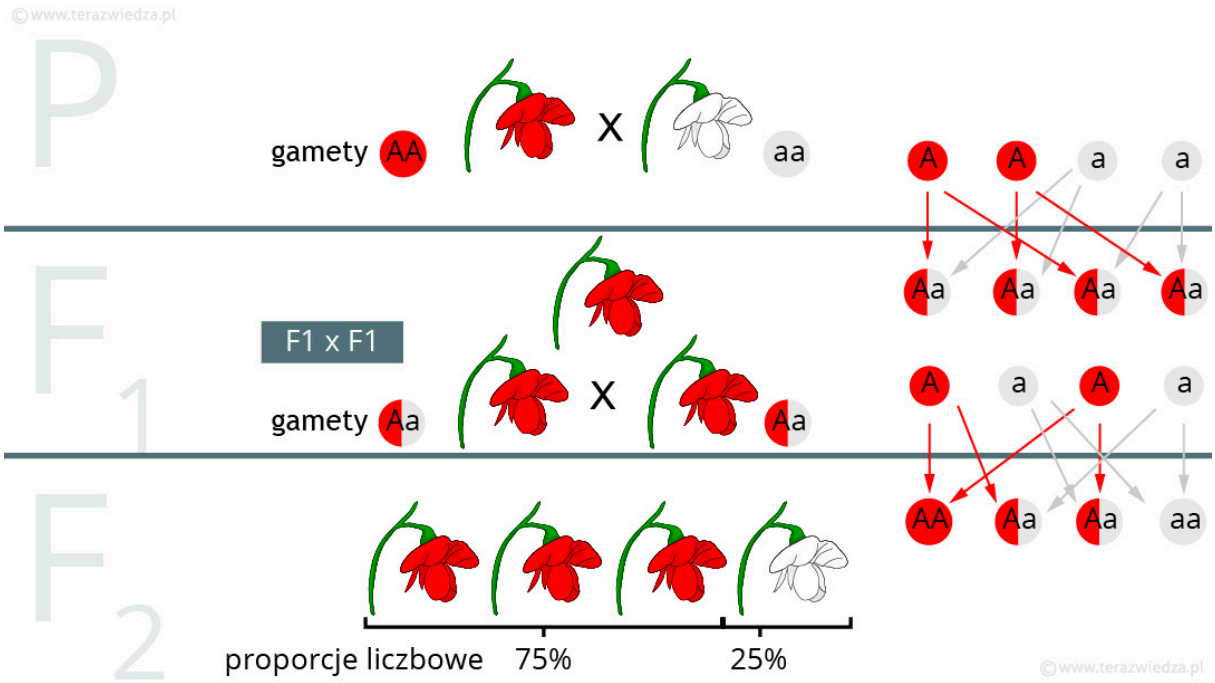
Jedno z klasycznych doświadczeń Mendla polegało na krzyżowaniu ze sobą odmian grochu jadalnego o czerwonych kwiatach i kwiatach białych. Rośliny z obu grup stanowiły tak zwane **linie czyste** – krzyżowane ze sobą dawały takie samo potomstwo (białe krzyżowane z białymi dawały wyłącznie rośliny o białych kwiatach, czerwone z czerwonymi – wyłącznie rośliny o czerwonych kwiatach). W pierwszym pokoleniu potomnym (F1) wyrosły tylko rośliny o kwiatach czerwonych. W drugim pokoleniu potomnym (F2) pojawiły się rośliny o kwiatach czerwonych oraz białych w proporcji liczbowej 3:1.



Dziedziczenie barwy kwiatów grochu zwyczajnego (tzw. krzyżówka jednogenowa)

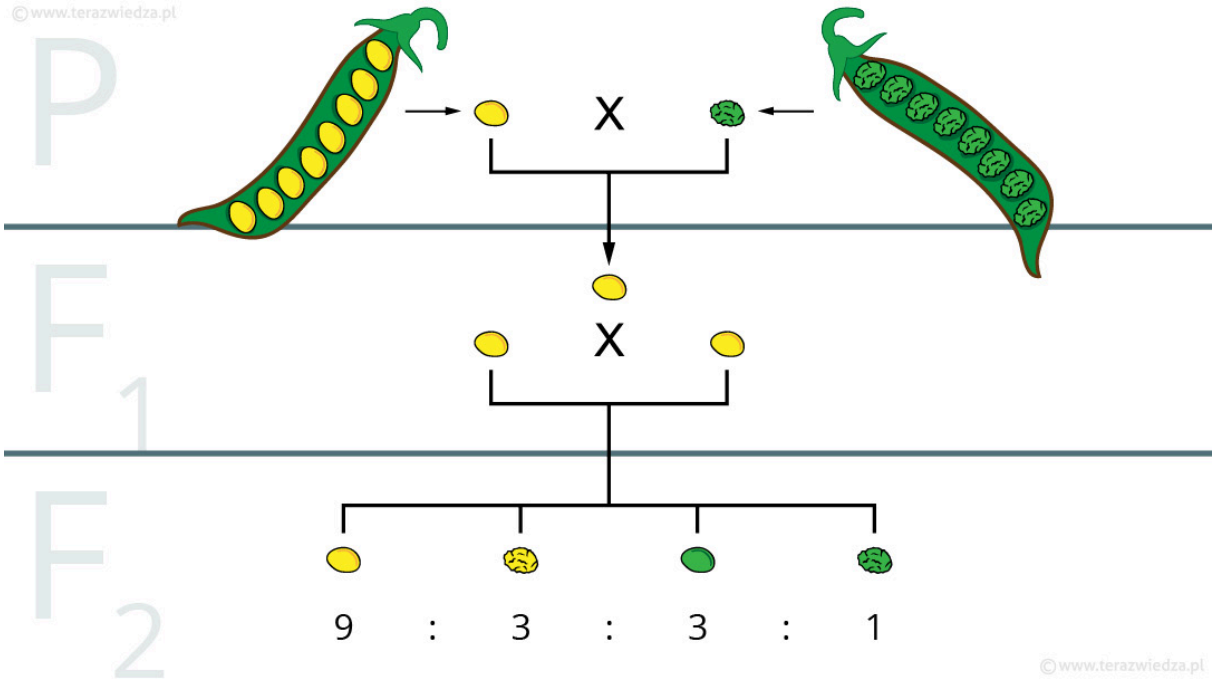
Analiza: W przedstawionym tu doświadczeniu pokolenie rodzicielskie tworzyły wyłącznie osobniki homozygotyczne. Rośliny o kwiatach czerwonych były **homozygotami dominującymi** (AA), rośliny o kwiatach białych były **homozygotami recesywnymi** (aa). Pierwsze pokolenie potomne stanowiły wyłącznie **heterozygoty** (100% Aa), przy czym czerwona barwa kwiatów oznaczała dominację zupełną allelu A. Drugie pokolenie potomne tworzyły oba rodzaje homozygot i heterozygoty (75% roślin o kwiatach czerwonych - AA, Aa, Aa oraz 25% o kwiatach białych - aa).

Wnioski: Potomstwo dziedziczy zawiązki cech po obu rodzicach. Z każdej pary zawiązków do gamety wchodzi zawsze tylko jeden (jest to tzw. **I prawo Mendla** zwane też prawem czystości gamet). Dzisiaj mówimy po prostu, że z każdej pary alleli do gamety wchodzi tylko jeden.



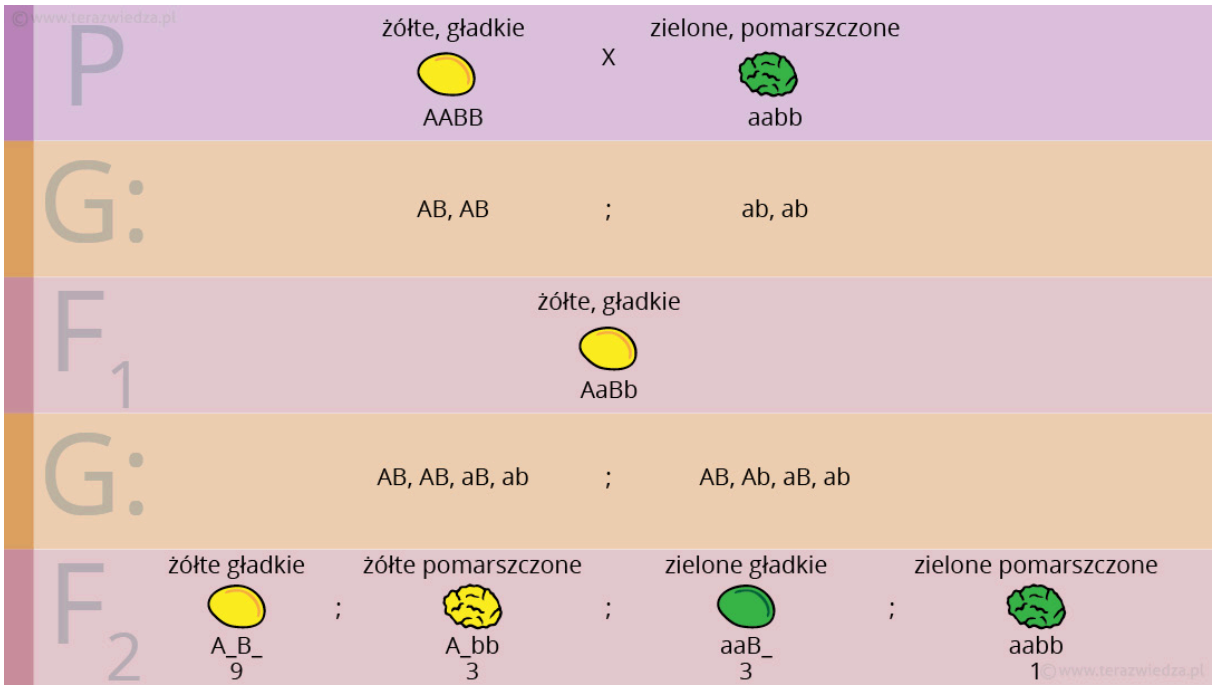
Dziedziczenie barwy kwiatów grochu zwyczajnego (tzw. krzyżówka jednogenowa) - analiza

Mendel przeanalizował także dziedziczenie dwóch cech jednocześnie. W jednym z takich doświadczeń skrzyżował groch o nasionach żółtej barwy i gładkiej powierzchni z roślinami o nasionach zielonych i pomarszczonych. W pierwszym pokoleniu potomnym wszystkie rośliny wytworzyły nasiona żółte i gładkie (były to więc cechy dominujące). Rośliny F1 skrzyżowane ze sobą dały potomstwo zróżnicowane na cztery klasy jakościowe w proporcjach 9:3:3:1.

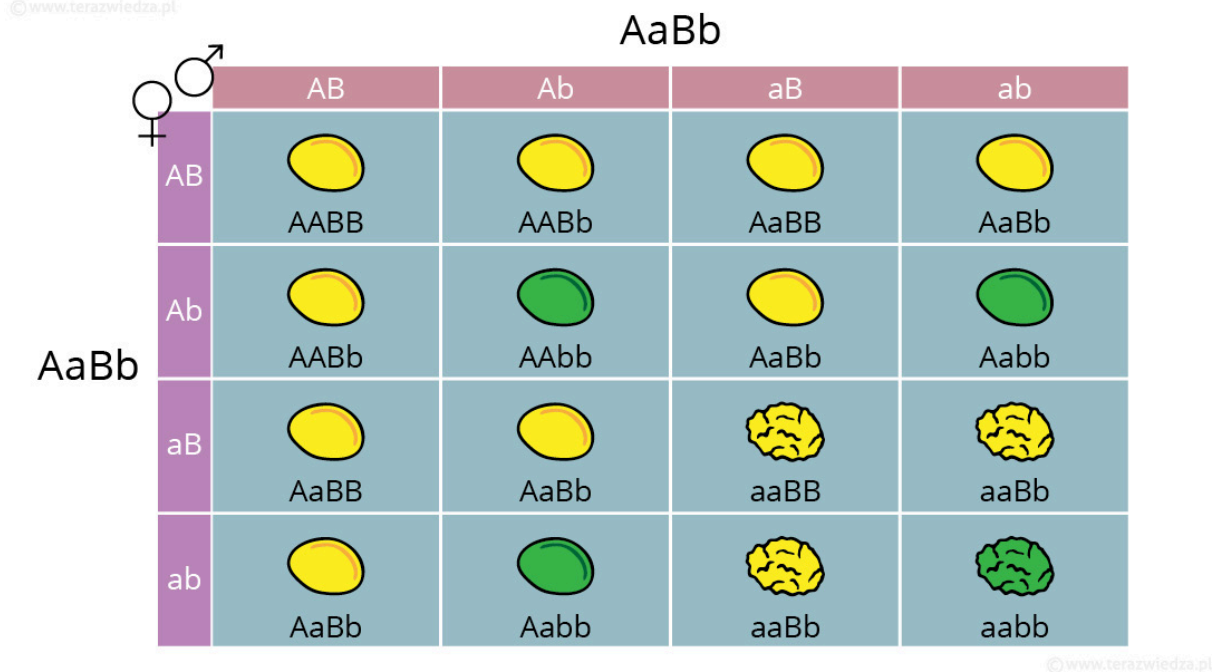


Dziedziczenie barwy i uformowania powierzchni nasion grochu zwyczajnego (tzw. krzyżówka dwugenowa)

Analiza: W przedstawionym doświadczeniu pokolenie rodzicielskie tworzyły wyłącznie osobniki homozygotyczne. Rośliny wydające nasiona żółte o gładkiej powierzchni były homozygotami dominującymi (AABB), rośliny o nasionach zielonych i pomarszczonych były homozygotami recesywnymi (aabb). Pierwsze pokolenie potomne (F1) stanowiły wyłącznie heterozygoty (100% AaBb), przy czym żółta barwa oraz gładka powierzchnia nasion były cechami o dominacji zupełnej. Natomiast drugie (F2): cztery rodzaje homozygot (AABB, AAbb, aaBB i aabb) i heterozygoty (AaBb).



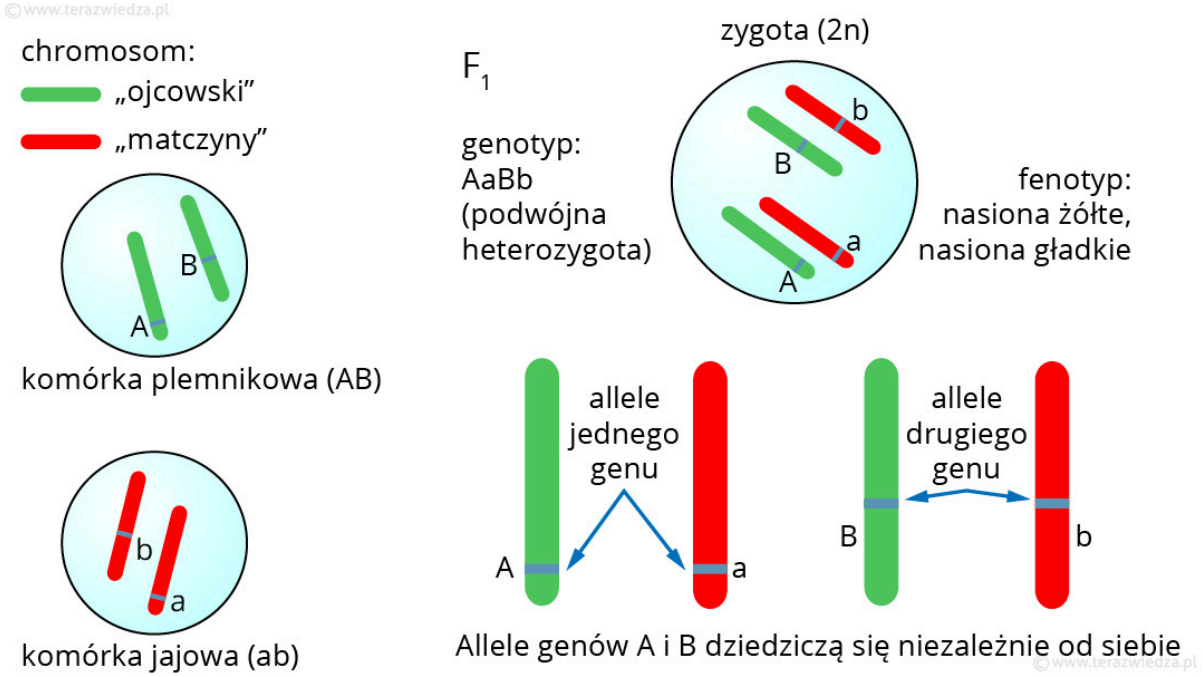
Dziedziczenie barwy i uformowania powierzchni nasion grochu zwyczajnego (tzw. krzyżówka dwugenowa) – analiza



Szachownica genetyczna (F_1 x F_1)- krzyżowanie roślin heterozygotycznych: o nasionach żółtych i gładkich (policz i pogrupuj fenotypy)

Wnioski: Zawiązki każdej z analizowanych cech dziedziczone są zgodnie z regułą czystości gamet. Po drugie zawiązki przekazane zostały do gamet

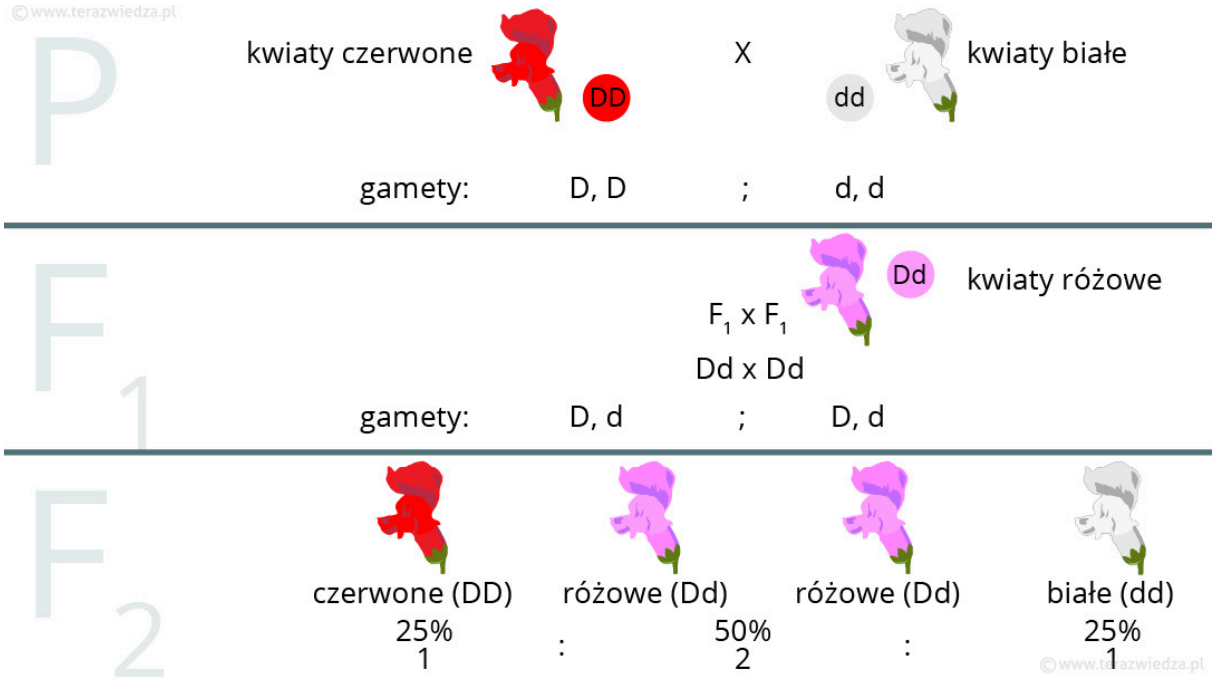
niezależnie od siebie (stąd proporcje fenotypów 9:3:3:1). Jest to **II prawo Mendla** zwane też prawem niezależnego dziedziczenia się cech.



Drugie prawo Mendla - geny A i B dziedziczą się niezależnie

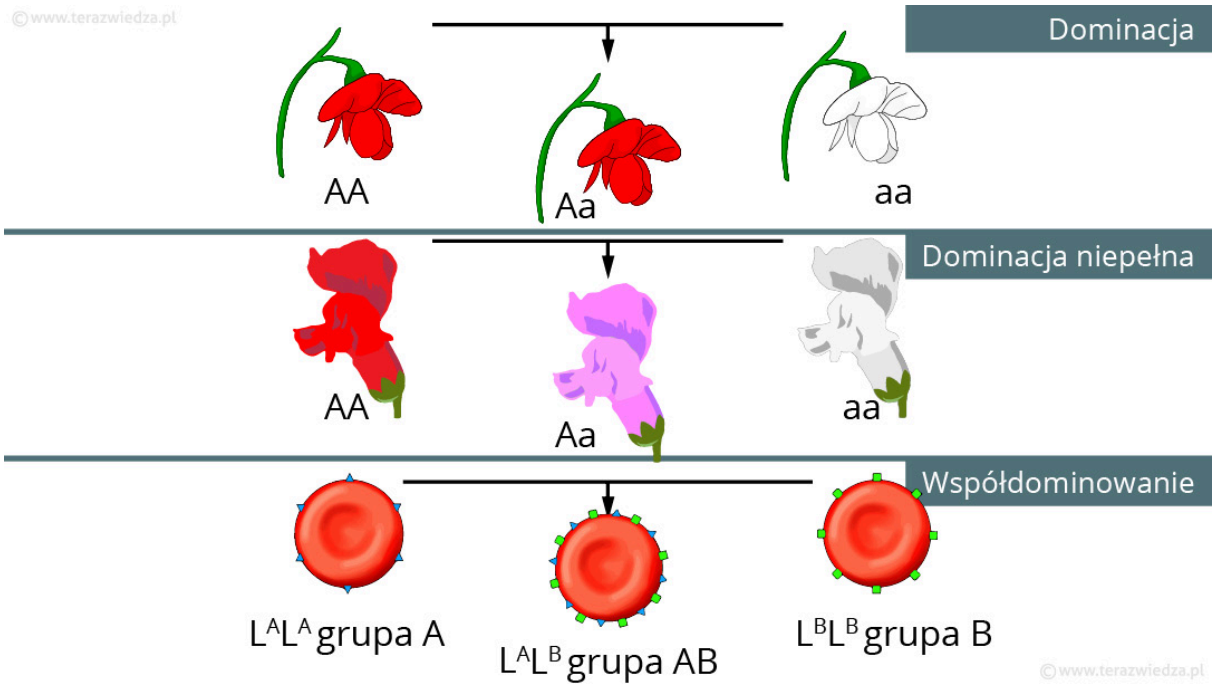
4.3. Rozszerzenie doświadczeń Mendla

Prace następców Mendla pozwoliły wykazać, że zależności między genami a cechami często są bardziej złożone niż u grochu zwyczajnego. Zacznijmy od tego, że nie zawsze jeden allel dominuje w pełni nad drugim. Na przykład u wyżlinu (lwiej paszczy) allel dominujący odpowiedzialny za powstanie czerwonej barwy kwiatów nie maskuje w pełni obecności allelu recesywnego (barwy białej). W związku z tym heterozygoty wykazują cechę pośrednią - mają różowe kwiaty. Krzyżówka heterozygot daje w drugim pokoleniu mieszańców charakterystyczną proporcję genotypów oraz fenotypów wynosząca 1:2:1. Ten typ zależności między różnymi allelami jednego genu nazwano **dominacją niepełną** (dominowaniem niezupełnym).



Dominacja niepełna u wyżlinu

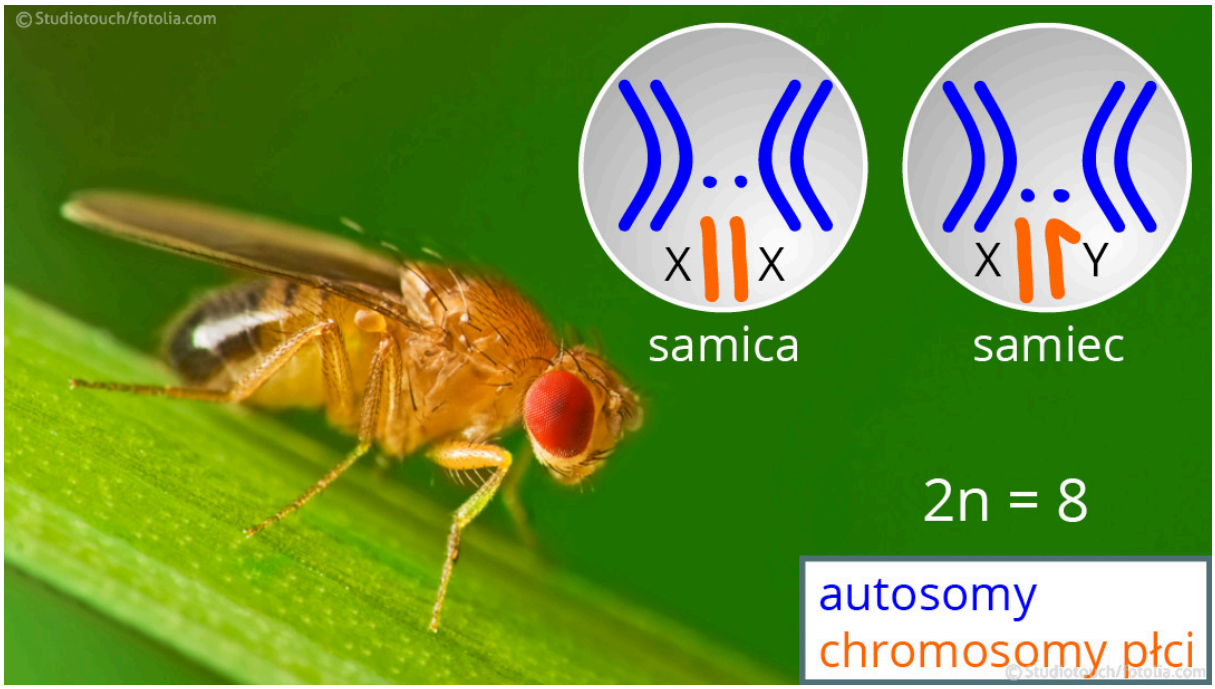
Jeszcze innym rodzajem relacji między allelami jest **współdominowanie** (kodominacja). W takim przypadku żaden z alleli nie jest ani dominujący, ani recesywny. W fenotypie takiej heterozygoty ujawnia się zarówno obecność jednego, jak i drugiego allelu (obrazowo moglibyśmy nazwać to mozaikowatością danej cechy). Przykładem kodominacji jest dziedziczenie dereszowatego umaszczenia sierści u niektórych ras bydła, a także sposób determinowania głównych grup krwi u człowieka. Grupy krwi człowieka są jednocześnie przykładem, gdy gen warunkujący cechę występuje w trzech odmianach: allelu I^A, I^B, i^0.



Typy dominacji (w przypadku krwi pominęliśmy grupę 0)

4.4. Chromosomowa teoria dziedziczności

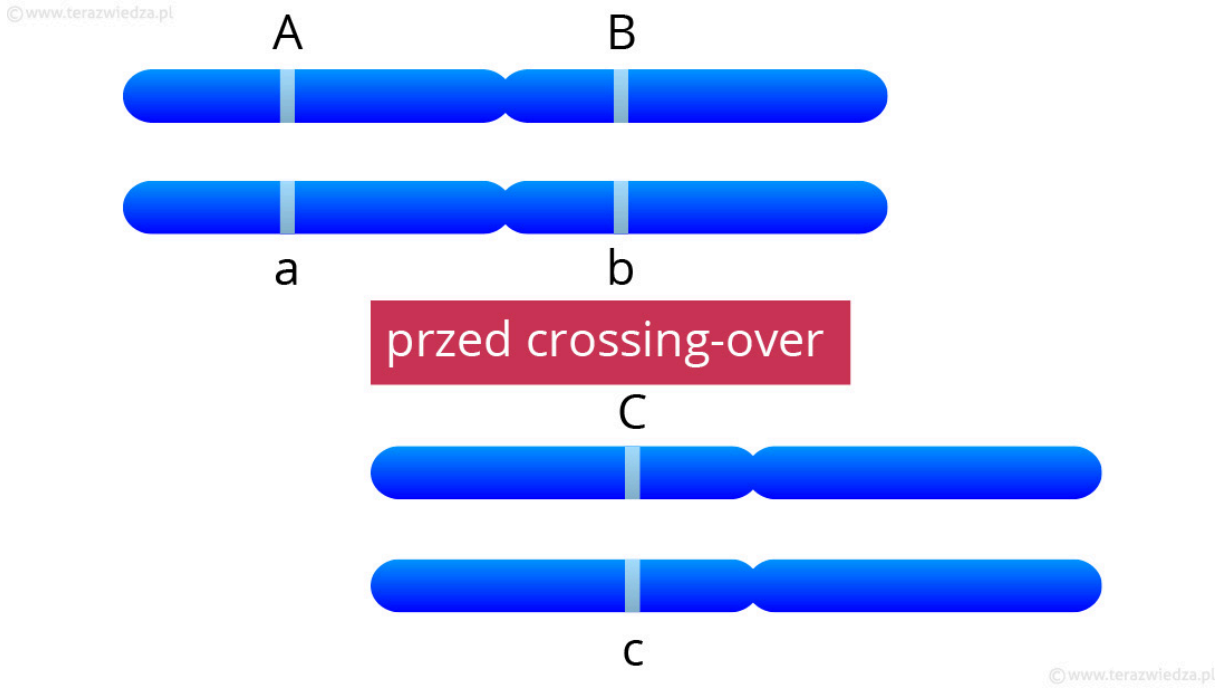
Jeden z następców Mendla, **Thomas Morgan**, nie tylko wykazał istnienie genów, ale potrafił także wskazać gdzie się one znajdują. Morgan rozwinął badania genetyczne m.in. przez zastosowanie mikroskopu do obserwacji chromosomów. Podstawowym obiektem badań Morgana była **muszka owocowa** (*Drosophila melanogaster*). Ten niewielki owad ma krótki cykl życiowy i wyraziste cechy fenotypowe, których dziedziczenie łatwo można śledzić (np. barwa oczu i kształt skrzydeł).



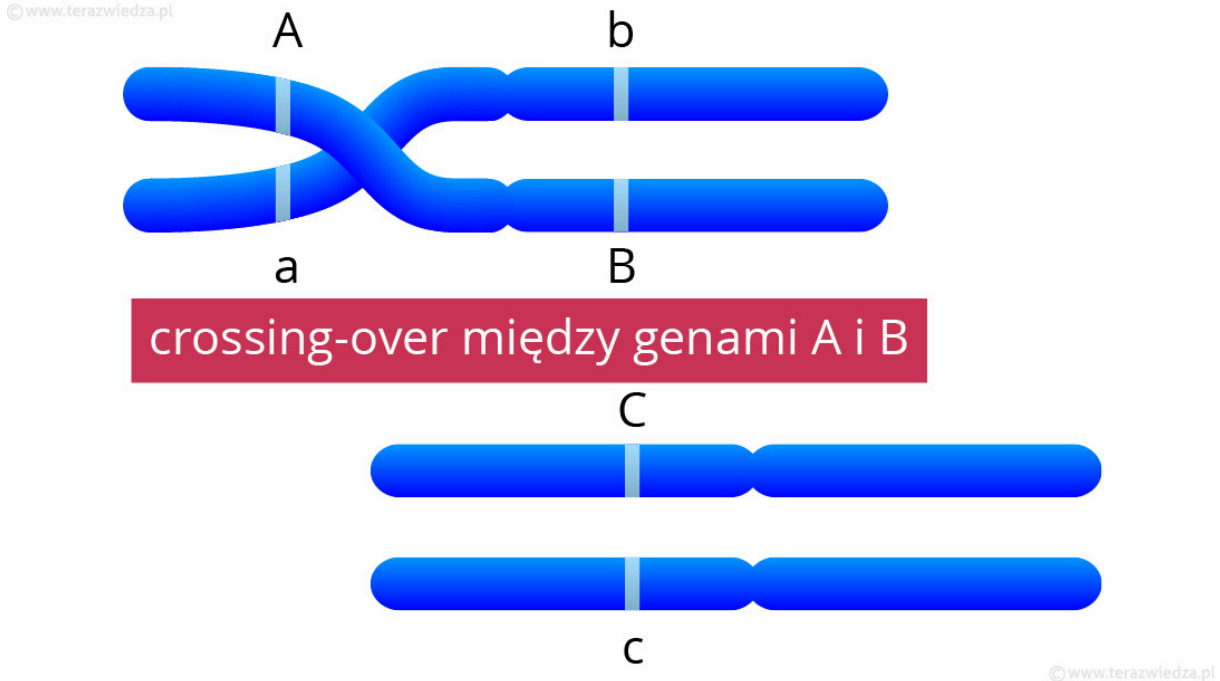
Komórki muszki owocowej mają niewiele chromosomów (kariotyp 2n = 8)

Uwaga: co prawda skład chromosomów płci muszki owocowej jest taki, jak u człowieka, jednak molekularny mechanizm determinacji płci jest zupełnie inny.

Morgan i jego współpracownicy szybko wykazali, że płeć muszki owocowej zależy od składu chromosomów płci. Późniejsze badania dowiodły, że geny są jednostkami materialnymi - odcinkami chromosomów. Okazało się też, że **geny ułożone są na chromosomach liniowo** (jeden za drugim) i **każdy gen zajmuje ściśle określone miejsce** (*locus*, l. mn. *loci*). Weryfikacja badań Mendla potwierdziła prawo niezależnego dziedziczenia cech. Okazało się jednak, że dotyczy ono genów znajdujących się na różnych chromosomach. Geny, których loci znajdują się na jednym chromosomie dziedziczą się jako **grupa sprzężona**. Jednak układ genów sprzężonych też może zostać zmieniony. Przyczyną jest **crossing-over**. Zjawisko to zachodzi podczas mejozy i polega na wymianie odcinków chromosomów homologicznych. Prawdopodobieństwo, że crossing-over zajdzie akurat między dwoma analizowanymi genami jest wprost proporcjonalne do odległości między nimi.



Schemat przedstawiający parę genów sprzężonych: A i B (układy alleli: AB oraz ab). Gen C dziedziczy się od nich niezależnie



Jeśli zajdzie crossing-over na odcinku A >>> B powstaną układy alleli: Ab oraz aB.

Uwaga: dla łatwiejszego zrozumienia chromosomy przedstawiono jako

twory pojedyncze.

Na koniec zauważmy, że prace Mendla i Morgana wyjaśniły podłoże **rekombinacji genetycznej**, czyli powstawania potomstwa o kombinacji cech różnej od tej występującej u rodziców.

4.5. Mechanizmy genetyczne determinujące płeć

W przypadku człowieka o tym, jaka będzie płeć potomka, nie decydują pojedyncze geny, ale ich zespoły zlokalizowane w **chromosomach płci**. Kobiety mają w każdej komórce dwa chromosomy X (2n = 46, XX), mężczyźni – jeden chromosom X oraz jeden chromosom Y (2n = 46, XY). Chromosom X każdego człowieka zawiera liczne geny niezbędne do prawidłowego rozwoju. Chromosom Y ma niewiele genów, ale wśród nich jest gen SRY (ang. sex-determining region Y gene) odpowiadający za powstanie męskich cech płciowych. Taki sam mechanizm determinacji płci mają inne ssaki.

Kariotyp 2n = 40, XX tworzy komplet chromosomów samicy kota domowego

Obecność lub brak chromosomu Y określa płeć także u części owadów (np. opisanej już muszki owocowej) oraz u licznych roślin okrytonasiennych. Samice wielu kręgowców, np. ptaków, mają różne chromosomy płci (XY), samce zaś takie same (XX). Znane są też zupełnie

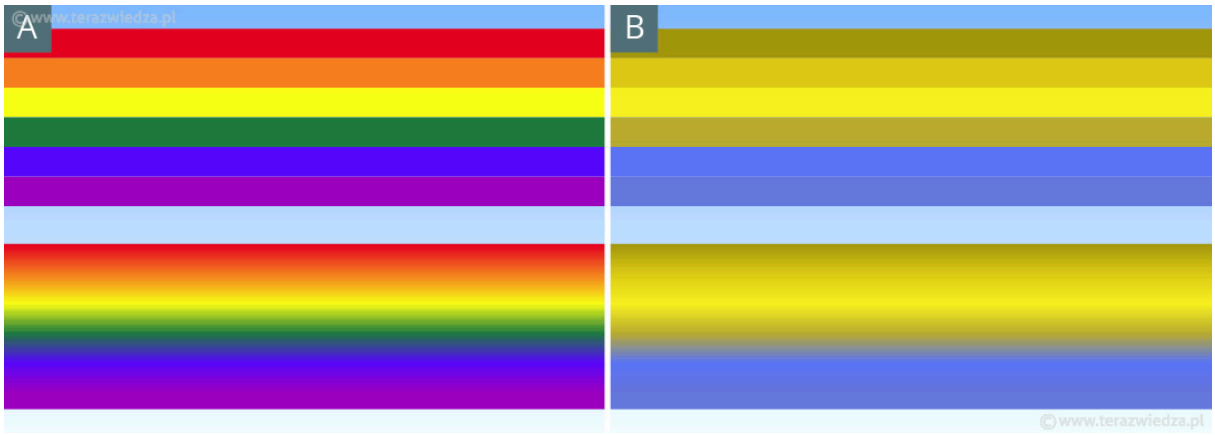
inne „rozwiązania”, np. płeć wielu owadów determinuje „kompletność” genomu. Jeśli jest podwójny (2n), rozwijają się samice. Pojedynczy genom (n) determinuje rozwój samców. Bardzo nietypowa jest temperaturowa determinacja płci, którą wykryto m.in. u krokodyli, hatterii i wielu żółwi. Rozwój płci tych gadów zależy od temperatury inkubacji jaj (ściślej zaś zarodka).

U hatterii rozwój płci zależy od temperatury inkubacji jaj

4.6. Cechy sprzężone z płcią i zależne od płci

Daltonizm, czyli dziedziczne upośledzenie rozróżniania barw, jest cechą warunkowaną przez recesywne mutacje kilku genów znajdujących się na chromosomie X. Kobiety mają dwa chromosomy X, nie odróżniają więc barw jedynie wówczas, gdy odziedziczą dwa zmutowane allele (od matki i od ojca). Kobiety heterozygotyczne prawidłowo odróżniają barwy. Mogą przy tym nawet nie wiedzieć, że są nosicielkami allelu daltonizmu. Mężczyźni mają jeden chromosom X, a więc i jeden komplet genów, które na nim leżą. To tłumaczy dlaczego są znacznie częściej daltonistami (odziedziczony po matce allel zawsze się ujawni). Daltonizm jest więc **cechą sprzężoną z płcią**, czyli taką, która nie dotyczy płci, ale determinowana jest przez gen znajdujący się na chromosomach X.

Najczęściej w siatkówce oka brak jest czopków pozwalających na rozróżnianie barwy zielonej i czerwonej.



Jedna z kilku postaci daltonizmu. A - Tak widzi tęczę osoba odróżniająca prawidłowo wszystkie kolory. B - Tak widzi tęczę osoba, która nie rozpoznaje barwy zielonej lub myli ją z czerwoną

Ciekawe! Poniżej zamieściliśmy link do prostego symulatora, który można bezpłatnie pobrać i zainstalować na urządzeniu mobilnym z systemem Android. **Chromatic Vision Simulator**

Uwaga: mechanizm dziedziczenia daltonizmu jest taki sam, jak hemofilii (por. rozdz. 6.2).

Pewne cechy określamy mianem **związanych z płcią** (zależnych od płci). Geny takich cech leżą na autosomach, jednak ekspresji ulegają tylko u określonej płci. Przykładem jest łysienie dziedziczne – cecha prawdopodobnie determinowana przez allel dominujący. Gen łysienia ujawnia się na ogół tylko u mężczyzn, ponieważ mają oni wysoki poziom testosteronu (im wyższy, tym większa jest tzw. penetracja genu). Bezpośrednią przyczyną łysienia jest zaś reakcja chemiczna pochodnej testosteronu z genetycznie podatnymi mieszkami włosowymi.

Efekt ekspresji genu łysienia (u mężczyzn często ujawnia się już koło 20. roku życia)

4.7. Podsumowanie

Prawa Mendla (zapis skrócony):

I prawo Mendla: każda gameta zawiera tylko jeden allel z danej pary alleli.

II prawo Mendla: allele różnych genów są dziedziczone niezależnie od siebie.

- Chromosomowa teoria dziedziczności (nazywana teorią Morgana):
  - geny w chromosomach są ułożone liniowo (miejsce występowania genu - *locus*)
  - geny leżące w jednym chromosomie i położone blisko siebie są sprzężone i dziedziczą się zależnie
  - jeżeli dwa geny znajdują się na dwóch różnych chromosomach, to są dziedziczone niezależnie
  - geny leżące na jednym chromosomie daleko od siebie zasadniczo są dziedziczone niezależnie
  - podczas mejozy w chromosomach homologicznych może zachodzić wymiana odcinków chromatyd (crossing-over),

która jest źródłem tzw. zmienności rekombinacyjnej.

- Dziedziczenie jednogenowe:
  - z dominacją pełną, np. barwa kwiatów, nasion, wysokość pędów u grochu
  - z dominacją niepełną, np. barwa kwiatów u wyżlinu (lwiej paszczy) lub barwa piór u ptaków
  - ze współdominowaniem, np. dziedziczenie grupy AB krwi u człowieka (genotyp I^AI^B).
- Wykształcenie określonej płci u człowieka zależy od składu chromosomów płci (XX lub XY).
- Cechy sprzężone z płcią warunkują geny położone w chromosomach X, które zazwyczaj nie mają odpowiadających im alleli w chromosomie Y.

4.8. Polecenia kontrolne

Polecenia kontrolne w postaci pliku pdf możesz pobrać z naszej strony tutaj (wymagane połączenie z internetem).

5. Błędy, czyli mutacje i ich znaczenie

DNA wszystkich organizmów ulega przypadkowym zmianom, które nazywamy **mutacjami**. Mutacje powstają samorzutnie lub pod wpływem niekorzystnych mutagennych czynników środowiskowych (mutagenów). Mutacje są zmianami trwałymi, które mogą być dziedziczone. Tylko bardzo nieliczne mutacje wywierają korzystny wpływ na organizm, większość zaś jest szkodliwa. Czasem nawet drobna mutacja może spowodować śmierć organizmu.

© Wikipedia/prawa wygasły

© Wikipedia/prawa wygasły

Hugo Marie de Vries, holenderski botanik i genetyk, stworzył teorię mutacji

Przedstawiony przed chwilą opis mutacji będziemy jednak musieli uzupełnić. Przede wszystkim zwróćmy uwagę, że rekombinacje także mają charakter losowy i powstają spontanicznie. Dodajmy też, że o mutacjach mówimy także w odniesieniu do wirusów RNA. Amerykański genetyk **T. Dobzhansky** zaproponował więc definicję rzeczywiście uniwersalną - mutacją jest każda zmiana genotypu, która nie powstała na drodze rekombinacji. Takie ujęcie pokazuje jednak raczej czym mutacje nie są i należy umieć je zinterpretować. Proponujemy więc definicję bardziej „konwencjonalną": mutacją jest każda nagła, losowa i skokowa zmiana materiału genetycznego, która może być dziedziczona.

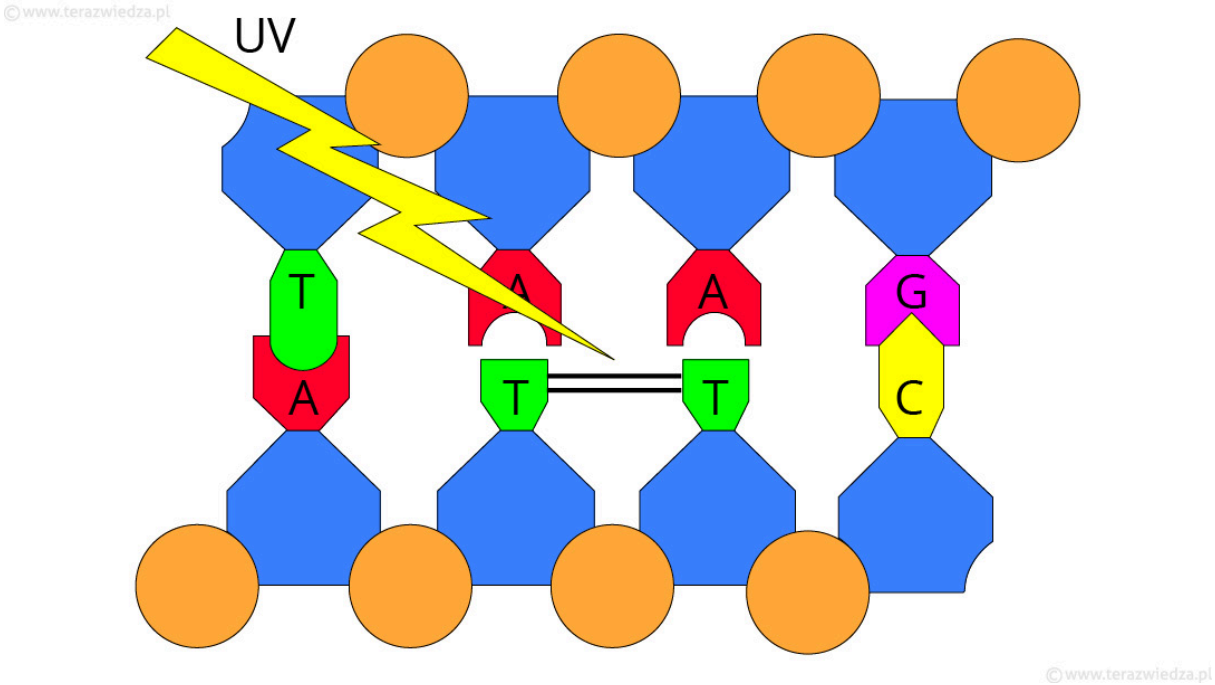
Podstawowe cechy mutacji

5.1. Wywoływanie mutacji

Mutacje samorzutne (spontaniczne) powstają rzadko. Wynika to zarówno z dokładności enzymów replikujących materiał genetyczny (przede wszystkim polimerazy DNA), jak i z pracy komórkowych systemów naprawczych. Potrafią one usuwać większość drobnych uszkodzeń DNA tak, że obserwowana przez nas średnia częstość mutacji w komórkach eukariotycznych wynosi 1 błąd na 10 milionów wstawionych nukleotydów, a nawet jeszcze mniej. **Mutacje indukowane** najczęściej powstają pod wpływem takich czynników mutagennych, jak: promieniowanie ultrafioletowe (UV) i rentgenowskie (X), aktywne rodniki, związki chemiczne wytwarzane przez pleśnie (np. aflatoksyna), zawarte w dymie papierosowym (np. benzopiren) czy powstające podczas spalania tworzyw sztucznych (dioksyny). Mutagenami są też niektóre środki chwastobójcze, a nawet wirusy (szczególnie te, których materiał genetyczny włączany jest do DNA gospodarza). Na przykład promieniowanie UV może spowodować, że dwie leżące obok siebie cząsteczki tyminy utworzą mostek - dimer tymidynowy.

Rodniki mogą zaś reagować z guaniną, tworząc oksyguaninę. Zmieniona guanina zamiast tworzyć parę z cytozyną, tworzy połączenie z adeniną. Te

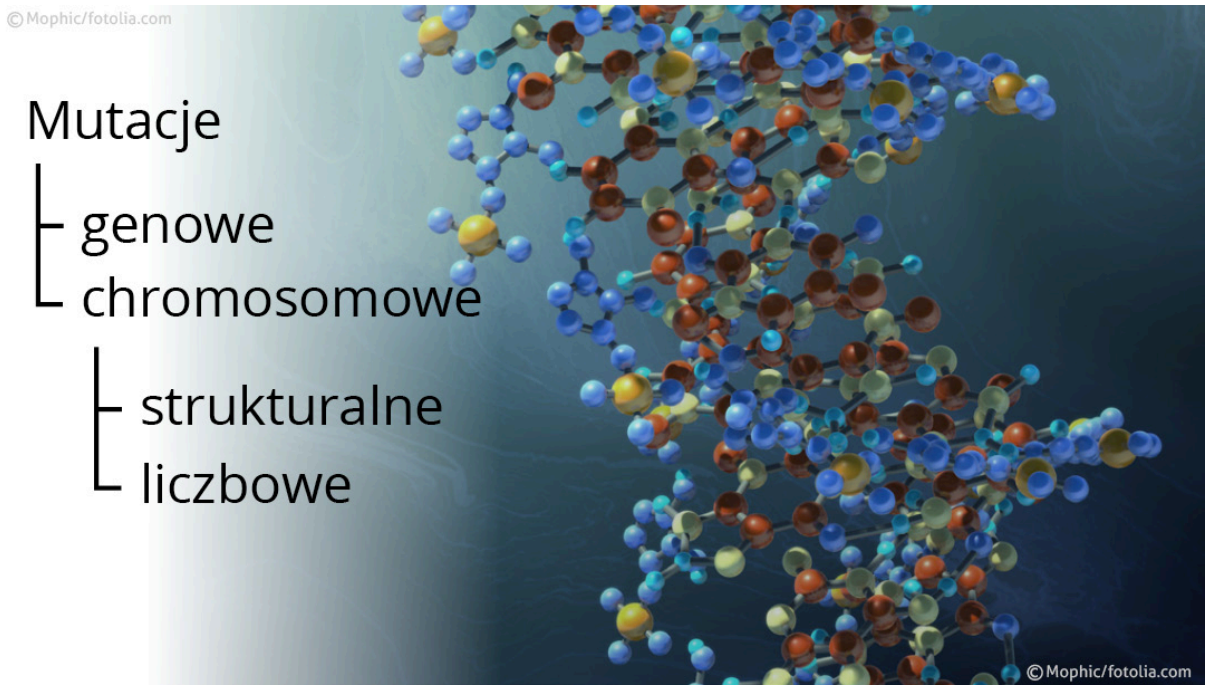
drobne zmiany powodują nie tylko błędy odczytu, ale także utrudniają lub uniemożliwiają replikację.



Promieniowanie UV indukuje tworzenie wiązań między sąsiednim cząsteczkami tyminy. Powstają wówczas dimery tymidynowe, które utrudniają przesuwanie się polimerazy DNA. Nieusunięcie dimerów prowadzi do błędów podczas replikacji, a więc powstają niewielkie mutacje

5.2. Podstawowy podział mutacji

Ze względu na skalę zmiany mutacje podzielono na: genowe i chromosomowe. **Mutacje genowe** są zmianami liczby lub kolejności ułożenia nukleotydów, nie większymi niż długość jednego genu. Najdrobniejsze mutacje genowe, te dotyczące pojedynczych nukleotydów, nazwano **mutacjami punktowymi**. **Mutacje chromosomowe** polegają na zmianie fragmentu pojedynczego chromosomu lub liczby całych chromosomów. Pierwsze nazwano mutacjami chromosomowymi strukturalnymi, drugie - chromosomowymi liczbowymi.

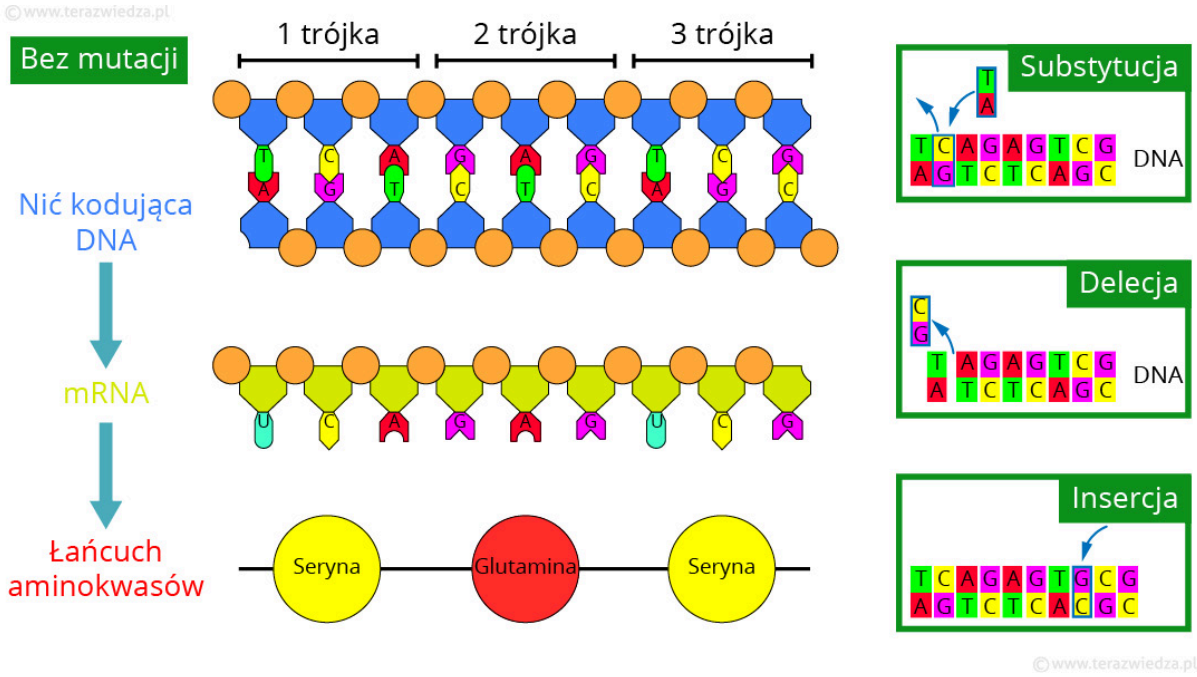


Podstawowy podział mutacji

5.3. Mutacje genowe (tu: punktowe)

Mutacje punktowe zwykle powstają podczas replikacji. Może wówczas dojść do zamiany jednego nukleotydu na inny (**substytucji**, podstawienia), utraty nukleotydu (**delecji**) albo wstawienia dodatkowego nukleotydu (**insercji**). Substytucje nie przesuwają ramki odczytu*. Skutkiem substytucji może być zamiana jednego aminokwasu na inny. Jeśli jednak nowy kodon koduje ten sam aminokwas, mutacja nie wywoła żadnego skutku. Najgorszym, jeśli można tak powiedzieć, wariantem substytucji jest powstanie kodonu STOP, który nie koduje żadnego aminokwasu. Wówczas białko będzie mniejsze i zapewne utraci swoje właściwości. Delecje i insercje przesuwają ramkę odczytu. Zawsze wywołuje to poważne zmiany w budowie kodowanego białka. W miejscu zmiany lub za nią może powstać kodon STOP albo dołączane będą zupełnie inne aminokwasy.

*Ramka albo inaczej faza odczytu to „trójkowe odczytywanie” układu kodonów w mRNA w czasie translacji od trójki startowej AUG.

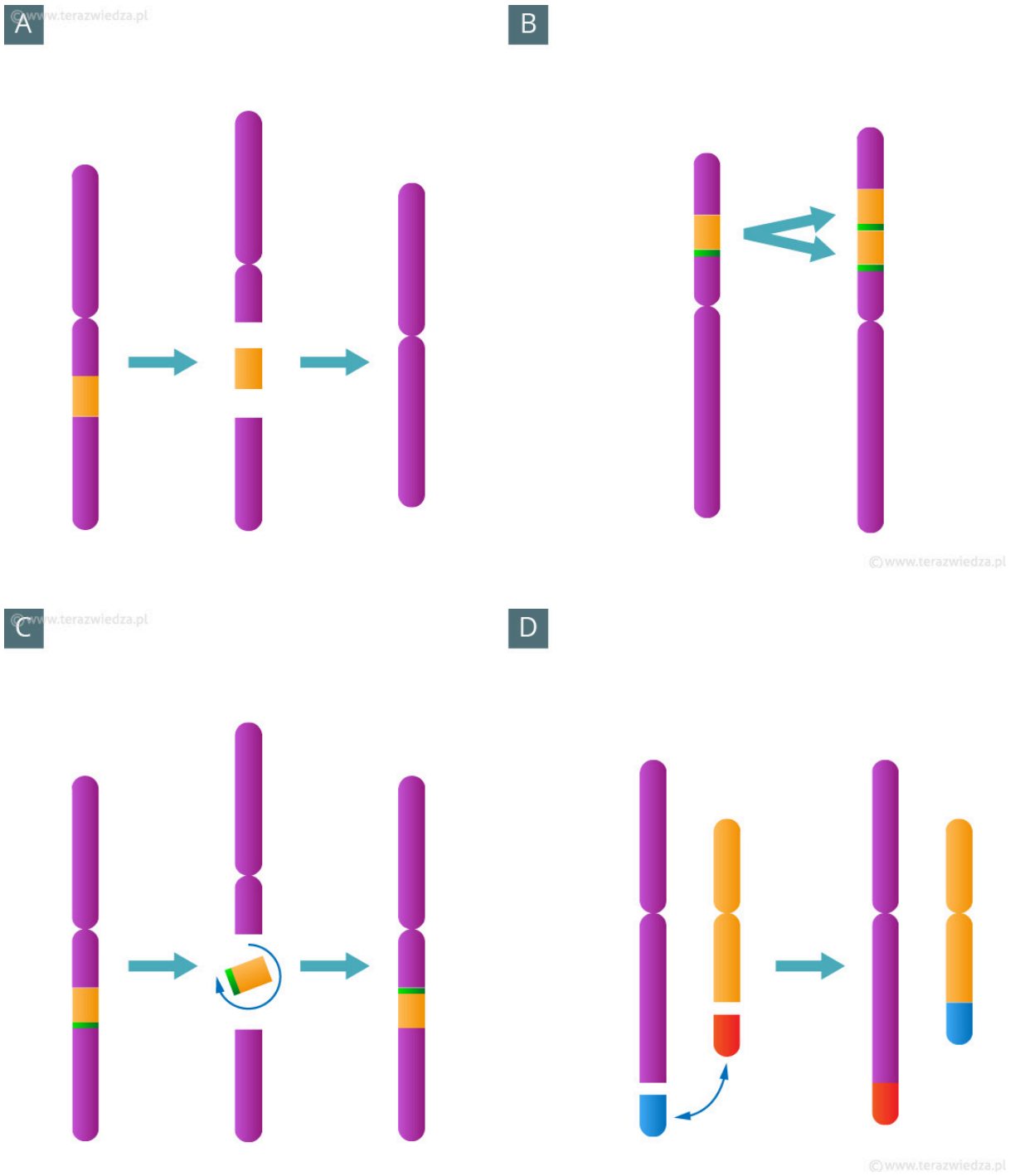


Rodzaje mutacji punktowych

Uwaga: mutacje genowe polegające na delecji lub insercji trzech lub wielokrotności trzech par nukleotydów nie będą zmieniały ramki odczytu.

5.4. Mutacje chromosomowe

Mutacje chromosomowe strukturalne powstają wówczas, kiedy chromosomy pękają, a następnie ich fragmenty łączą się w innym układzie. Utrata określonego odcinka chromosomu to delecja (**deficjencja**), powielenie - **duplikacja**, odwrócenie fragmentu chromosomu o 180° - **inwersja**, natomiast przeniesienie to **translokacja**.



Ogólny schemat powstawania mutacji chromosomowych strukturalnych: A - delecja, B - duplikacja, C - inwersja, D - translokacja

Uwaga: ponieważ mutacje chromosomowe strukturalne zmieniają położenie lub liczbę genów, mają bardzo duże znaczenie w procesie ewolucji.

Mutacje chromosomowe liczbowe zachodzą podczas mitozy lub mejozy,

gdy proces rozdziału chromosomów zostanie zakłócony. Zmianie mogą wówczas ulec pojedyncze chromosomy (np. 2n + 1) lub całe ich komplety (np. z 2n do 3n).

5.5. Podsumowanie

- Mutacja to każda losowa, nagła, skokowa i trwała zmiana materiału genetycznego (zwykle w DNA).
- Podział mutacji (ze względu na zakres zmian):
  - genowe (w tym punktowe) - zmiany w obrębie genów: bez zmiany ramki odczytu - substytucja (zamiana nukleotydów), ze zmianą ramki odczytu: delecja (wypadnięcie nukleotydów), insercja (dołączenie nukleotydów);
  - chromosomowe strukturalne (zmiana struktury chromosomu): delecja (deficjencja) (utrata fragmentu chromosomu), inwersja (odwrócenie fragmentu chromosomu), duplikacja (powielenie tego samego fragmentu chromosomu), translokacja (przemieszczenie fragmentu jednego chromosomu na inny chromosom niehomologiczny);
  - chromosomowe liczbowe - zmiana liczby chromosomów w wyniku wadliwego rozdziału chromosomów w trakcie podziału komórek. Przykłady: podwojenie jednego chromosomu - trisomia, utrata jednego chromosomu – monosomia, zwielokrotnienie kompletnego garnituru chromosomowego - poliploidalność.
- Podział mutacji ze względu na efekty zmian: korzystne (bardzo rzadkie), obojętne, subletalne (upośledzenie funkcji organizmu), letalne (śmierć organizmu).

5.6. Polecenia kontrolne

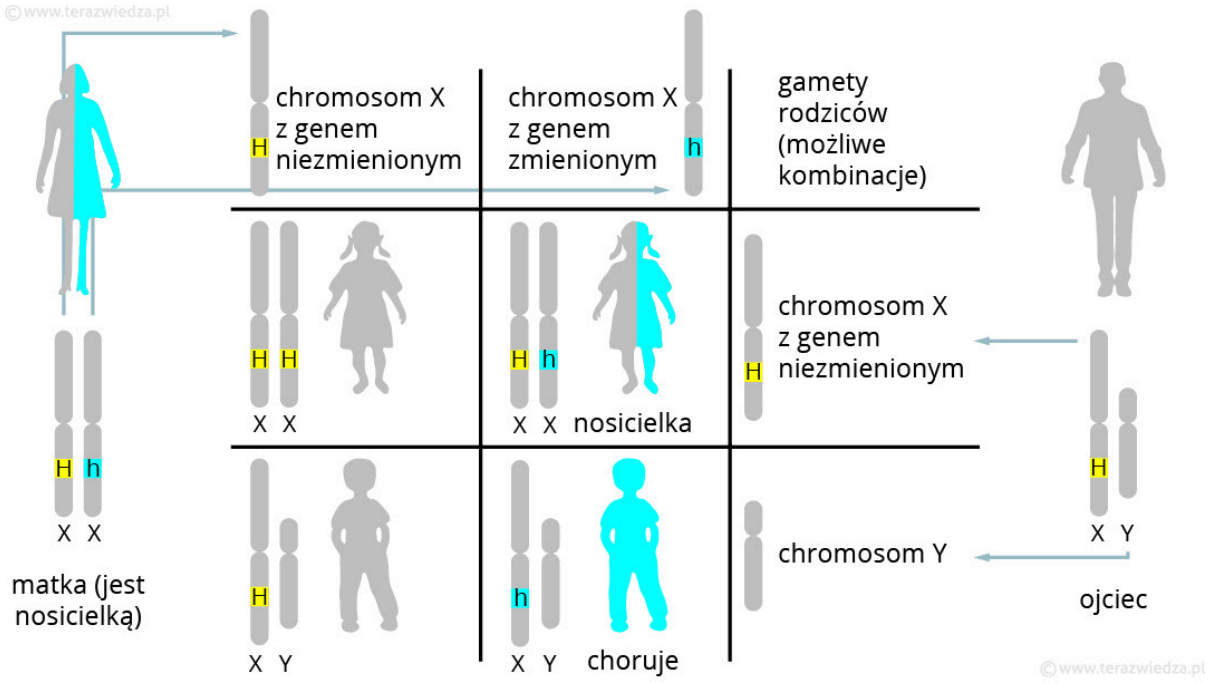
Polecenia kontrolne w postaci pliku pdf możesz pobrać z naszej strony tutaj (wymagane połączenie z internetem).

6. Choroby genetyczne człowieka

Postępy genetyki spowodowały, że zdiagnozowano i określono podłoże kilku tysięcy **chorób genetycznych** człowieka. Ze względu na mechanizm wywoływania choroby genetyczne podzielono na **jednogenowe** i **wielogenowe**. Objawy tych ostatnich często zależą od działania określonych czynników środowiskowych i mają bardzo złożone podłoże molekularne. Takie choroby nazywamy wieloczynnikowymi. W związku z tym poniżej przedstawiliśmy jedynie kilka prostszych przykładów.

6.1. Choroby jednogenowe

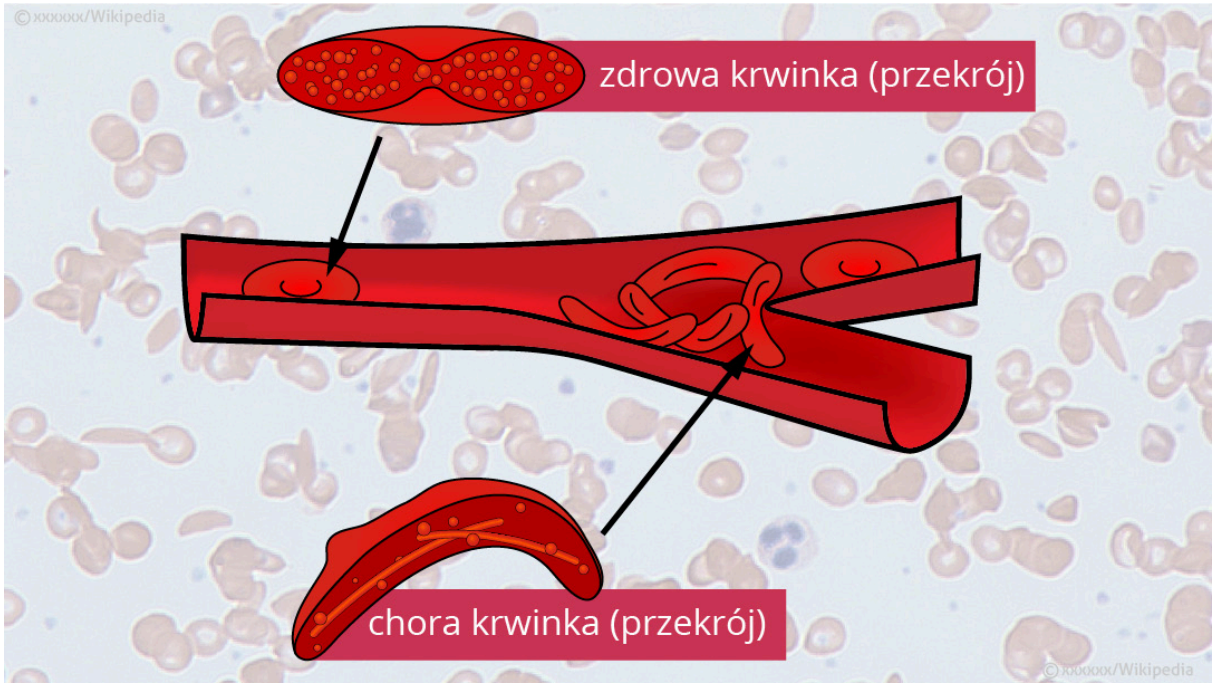
Do chorób jednogenowych należy hemofilia, anemia sierpowata, a także mukowiscydoza, choroba Huntingtona i fenyloketonuria. Wyróżnia się kilka podstawowych typów **hemofilii**. Najczęstszy typ - hemofilia A – warunkowana jest przez zmutowany, recesywny gen znajdujący się w chromosomie X. Hemofilię A tak, jak opisany wcześniej daltonizm, określa się więc mianem cechy sprzężonej z płcią. Kobiety chorują tylko wówczas, gdy odziedziczą dwa takie allele (od matki i od ojca). Kobiety heterozygotyczne nie chorują, chociaż są nosicielkami allelu hemofilii. Mężczyźni zapadają na tę chorobę, gdy odziedziczą allel po matce. Mamy tu więc do czynienia z pełną dominacją allelu kodującego białkowy czynnik krzepnięcia krwi.



Dziedziczenie hemofilii (podany przykład jest tylko jedną z kilku możliwości!)

Uwaga: znacznie rzadsza hemofilia typu B dziedziczy się tak, jak hemofilia A. U niektórych ludzi stwierdzono hemofilię C - wywołuje ją bardzo rzadka recesywna mutacja genu znajdującego się na 4. chromosomie.

Kolejnym przykładem poważnych skutków pojedynczej mutacji punktowej jest **anemia sierpowata** – choroba genetyczna człowieka, której skutkiem jest zmiana budowy i właściwości hemoglobiny. Mutacja polega na substytucji w szóstym kodonie genu kodującego jeden z łańcuchów polipeptydowych – zamiast kwasu glutaminowego wstawiana jest walina. Zamiana tego jednego aminokwasu powoduje, że cząsteczki hemoglobiny mają tendencję do tworzenia włóknistych połączeń i słabiej wiążą tlen. Erytrocyty ze zmienioną hemoglobiną są bardzo delikatne i mają zmieniony „sierpowaty" kształt. Chorzy mają poważne problemy z wydolnością fizyczną i są podatni na różne choroby. Okazało się jednak, że osoby będące heterozygotami mają w erytrocytach zarówno zwykłą hemoglobinę, jak i tę zmienioną. Tacy ludzie nie tylko nie chorują, ale są odporni na zakażenie zarodźcem malarii. Anemia sierpowata jest więc przykładem mutacji jednocześnie niekorzystnej i korzystnej.



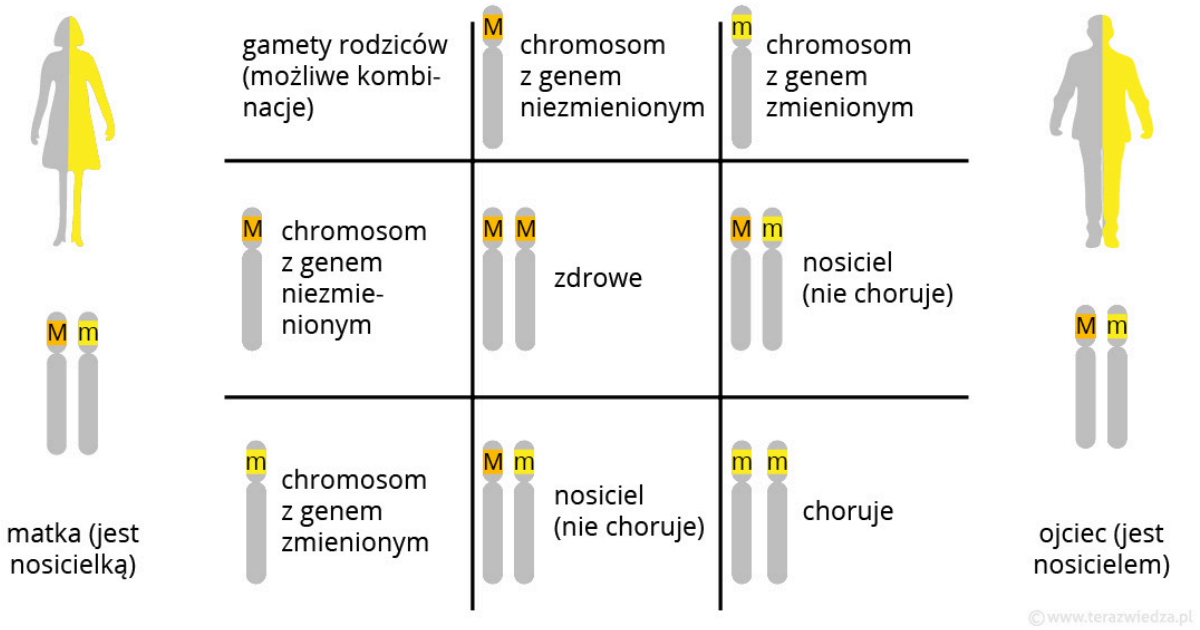
Krew osoby, która jest heterozygotą oraz model krwinek z normalną hemoglobiną i zmienioną

W Afryce, gdzie malaria jest bardzo rozpowszechniona, częstość występowania zmutowanego allelu anemii sierpowatej jest wyraźnie wyższa niż np. u Europejczyków.

Uwaga: geny kodujące oba łańcuchy hemoglobiny znajdują się na 11. chromosomie. Anemia sierpowata jest więc przykładem mutacji autosomalnej recesywnej.

Przyczyną **mukowiscydozy** jest recesywna mutacja w genie CFTR kodującym białkowy przenośnik wbudowany w błonę komórkową. Przenośnik ten odpowiada za transport jonów chlorkowych przez błonę w komórkach człowieka. Zmienione białko jest nieaktywne, co zaburza transport jonów w komórkach nabłonkowych i prowadzi do gromadzenia się śluzu w układzie oddechowym i pokarmowym. Śluz ten nie tylko utrudnia oddychanie, ale także sprzyja rozwojowi bakterii chorobotwórczych. Dochodzi też do uszkodzenia trzustki i jej niewydolności.

©www.terazwiedza.pl

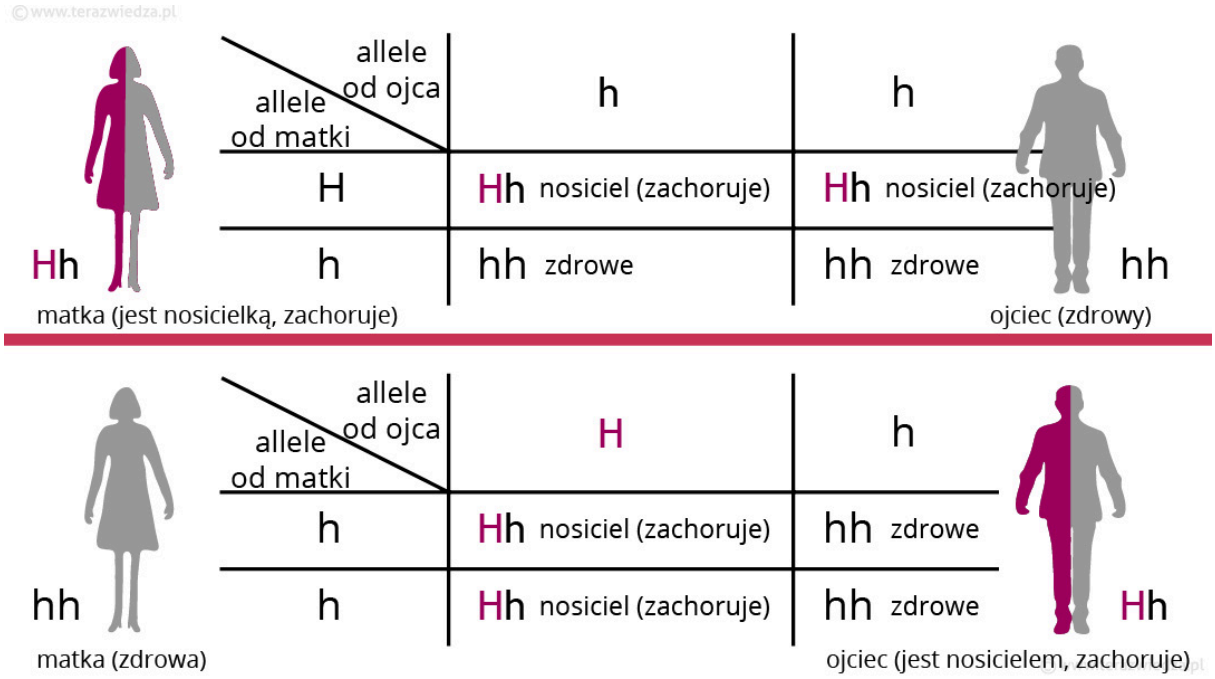


Dziedziczenie mukowiscydozy w przykładowej rodzinie

Link do strony Towarzystwa Walki z Mukowiscydozą znajdziesz **tutaj**.

Choroba Huntingtona wywoływana jest przez mutację dominującą. Jeśli więc ktoś odziedziczy taki allel, na pewno zachoruje. Osoby chore cierpią na poważne zaburzenia ruchu (niekontrolowane skurcze mięśni) i postępujące otępienie. Na chorobę Huntingtona zapadają zwykle osoby w wieku około 40-50 lat.

Fenyloketonurię wywołuje recesywna mutacja w genie kodującym enzym rozkładający jeden z aminokwasów - fenyloalaninę. Zmienione białko enzymatyczne jest nieaktywne, więc w organizmie chorego gromadzi się nadmiar fenyloalaniny. Skutkiem są poważne uszkodzenia układu nerwowego, co objawia się upośledzeniem umysłowym. Fenyloketonurię można wykryć już u noworodków i zapobiegać jej skutkom, stosując dietę ubogą w ten aminokwas (por. rozdz. 8.3).

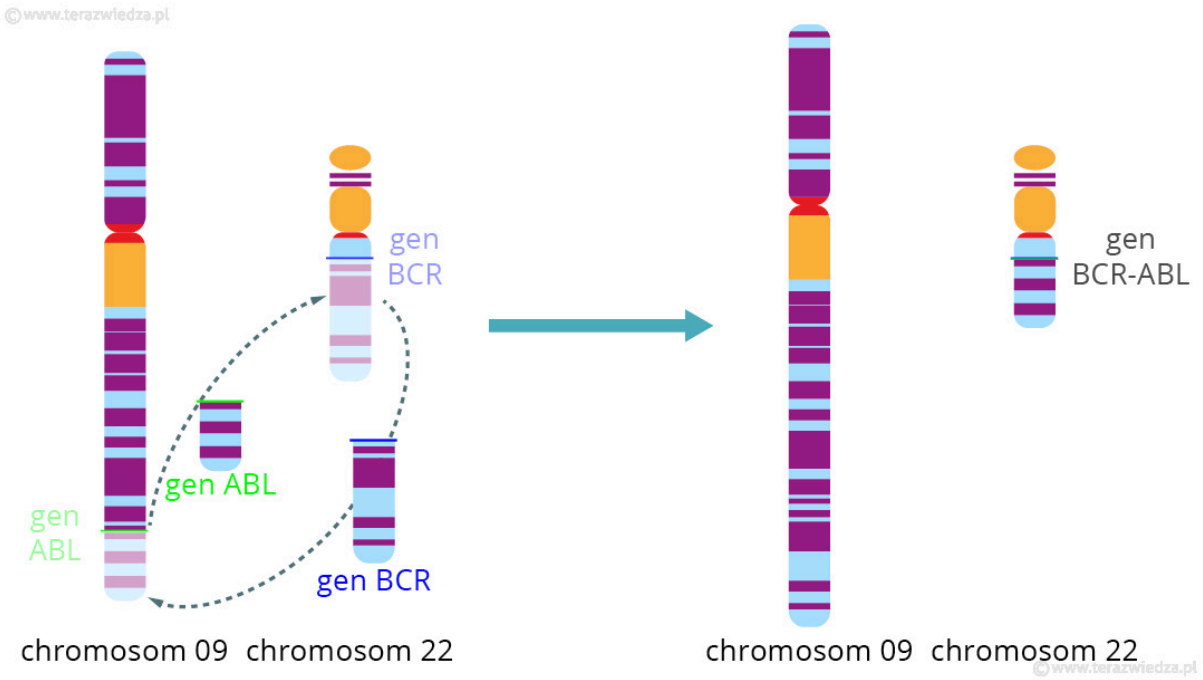


Dziedziczenie choroby Huntingtona (dwa przykłady)

6.2. Choroby wielogenowe

Mutacje chromosomowe strukturalne na ogół wywołują bardzo poważne zaburzenia rozwojowe. Na przykład u ponad 95% osób cierpiących na przewlekłą **białaczkę szpikową** wykryto mutację polegającą na translokacji wzajemnej. Podczas przygotowań do podziału komórkowego dochodzi do przeniesienia części jednego z ramion 9 chromosomu na chromosom 22. Jednocześnie fragment chromosomu 22 przeniesiony zostaje na chromosom 9 (stąd przymiotnik wzajemna). We fragmencie translokowanym z chromosomu 9 znajduje się gen ABL kodujący białko wpływające na podziały komórkowe (w normalnych warunkach gen ten jest „wyłączony" - nie ulega transkrypcji, a co za tym idzie nie przyspiesza podziałów komórkowych). Przeniesiony gen ABL dołączany jest do chromosomu 22 w rejonie, w którym znajduje się gen o nazwie BCR (jego funkcji jeszcze nie ustalono). Powstaje aktywny gen fuzyjny BCR-ABL.

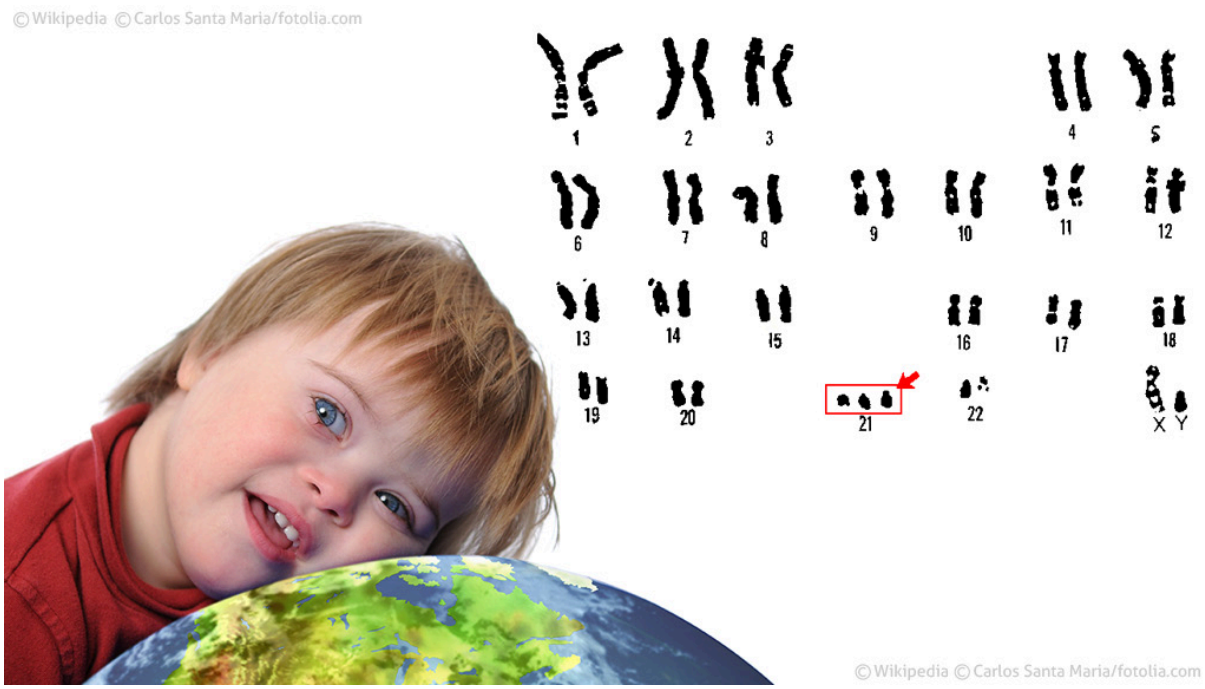
Upraszczając, można powiedzieć, że przeniesienie genu ABL i połączenie go z genem BCR powoduje „włączenie" genu ABL na stałe. Białko, które powstaje po jego odczycie, nie działa prawidłowo i przyspiesza podziały komórek macierzystych szpiku kostnego.



Zmieniony chromosom 9 nazwano chromosomem Philadelphia (od miasta, gdzie mutacja została opisana)

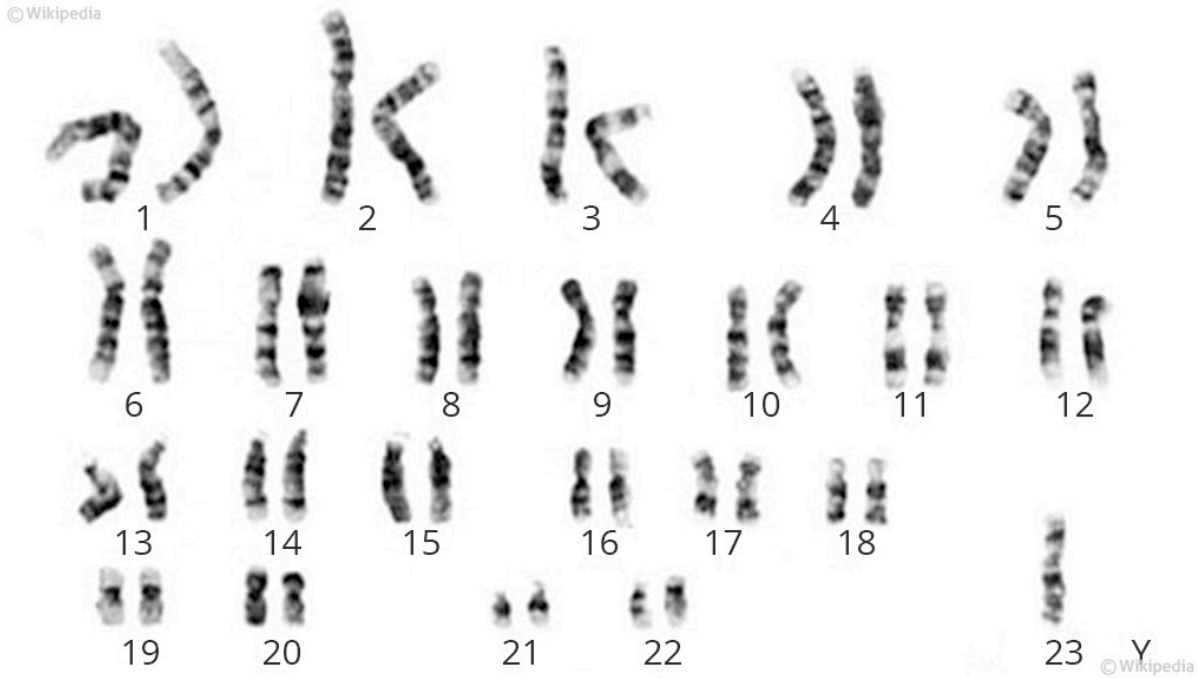
Uwaga: przewlekła białaczka szpikowa jest przykładem nowotworu - nieprawidłowej tkanki, która rozrasta się nadmiernie i w sposób nieskoordynowany z sąsiadującymi tkankami. Dodajmy, że nowotwory najczęściej są chorobami wieloczynnikowymi.

U człowieka mutacje polegające na zmianie całego kompletu chromosomów zawsze powodują śmierć komórek. Nawet brak lub obecność jednego nadmiarowego chromosomu (we wszystkich komórkach lub w pewnej ich części) jest przyczyną rozwoju różnych wad wrodzonych. Przykładem jest sytuacja, gdy jedna z gamet ma dwa chromosomy 21 pary. Po zapłodnieniu zygota ma 47 chromosomów, w tym 3 chromosomy nr 21 - mówimy więc o **trisomii** 21. chromosomu. Jednostkę chorobową nazwano **zespołem Downa**. Osoby z takim zaburzeniem genetycznym cierpią na różne dolegliwości fizyczne, wykazują też opóźnienie umysłowe. Stopień upośledzenia jest różny – część osób z pewną pomocą może chodzić do szkoły, a nawet funkcjonować samodzielnie. Ryzyko wystąpienia tego zespołu wzrasta wraz z wiekiem matki.



Chłopiec z zespołem Downa (kariotyp 47, XY,+21)

Do najczęstszych mutacji chromosomowych liczbowych zalicza się **zespół Turnera**, czyli **monosomię** chromosomu X (kariotyp 45, X0). Najbardziej charakterystyczną cechą dziewczynek z zespołem Turnera jest niski wzrost i krępa budowa ciała, dlatego duże znaczenie dla komfortu życia takich osób ma leczenie hormonem wzrostu. Cechy żeńskie zaznaczone są bardzo słabo, ponieważ jajniki zwykle funkcjonują nieprawidłowo. W zespole Turnera częste są też choroby nerek i wrodzone wady serca, ale rozwój psychiczny jest zwykle prawidłowy.



Zespół chromosomów osoby z zespołem Turnera (kariotyp 45, X0)

6.3. Poradnictwo genetyczne

Osoby z rodzin, w których wystąpiły choroby genetyczne, a także te, które mają lub mogą mieć problemy z prokreacją mogą korzystać z pomocy **poradni genetycznych**. Profesjonalne poradnictwo genetyczne polega na zebraniu i przekazaniu zainteresowanym istotnych informacji o ryzyku wystąpienia choroby genetycznej i jej możliwych konsekwencjach. Badania genetyczne obejmują nie tylko analizę rodowodową i analizę kariotypu, ale także **molekularne testy*** pozwalające wykryć wadliwe geny lub ich produkty. Niestety, mimo postępów genetyki klinicznej, czasem nie jest możliwe udzielenie pewnej i jednoznacznej porady. Zawsze warto jednak wysłuchać specjalisty dysponującego odpowiednią wiedzą o chorobach genetycznych. Jest to ważne, ponieważ pozytywny wynik badania pod kątem mutacji w genach nie musi oznaczać „wyroku", ale jedynie zwiększenie podatności na chorobę, np. łuszczycę czy cukrzycę (por. też rozdz. 9.5). Poradnictwo genetyczne pozwala nie tylko na szacowanie ryzyka wystąpienia choroby dziedzicznej, ale także wykorzystuje możliwości wykonywania **badań prenatalnych** (badań zarodka lub płodu). Badania takie dzielimy na nieinwazyjne i inwazyjne. Badania nieinwazyjne to na przykład analiza składu chemicznego krwi matki, molekularne testy

diagnostyczne oraz USG (badanie ultrasonograficzne).

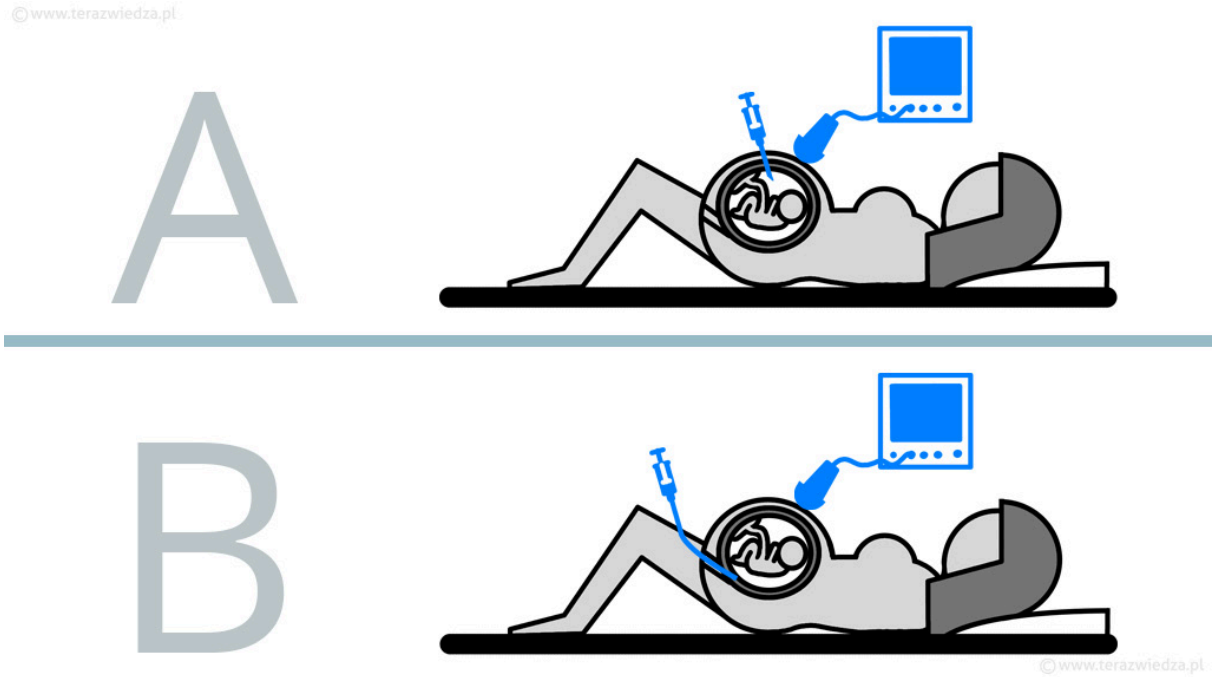
Badanie USG ma charakter rutynowy i samo jego zlecenie nie świadczy o wystąpieniu wad rozwojowych!

* W Polsce stosuje się m.in. testy diagnostyczne wykrywające mutacje genów: BRCA1 i BRCA2 (zwiększają ryzyko raka sutka i jajnika); MSH1, MLH1 (zwiększają ryzyko rozwoju raka jelita grubego i trzonu macicy); APC (zwiększającą ryzyko zachorowania na raka jelita grubego); CHEK2 (zwiększającą ryzyko zachorowania na raka nerki, jelita grubego, sutka i prostaty).

Ważne! Dzięki Internetowi kontakt z poradniami genetycznymi jest znacznie ułatwiony. Instytucje zajmujące się tym zagadnieniem zwykle mają swoje strony internetowe. Szukając poradni najbliższej miejsca zamieszkania, zacznij **tutaj**.

Badania inwazyjne polegają na pobraniu próbek tkanek. Komórki i płyny znajdujące się w próbkach można potem obserwować i analizować pod mikroskopem lub poddać odpowiednim testom. Najczęściej pobiera się i bada próbki płynu owodniowego (między 13. a 15. tygodniem ciąży). Zabieg taki wymaga nakłucia powłoki jamy brzusznej ciężarnej kobiety i pęcherza owodni (łacińska nazwa owodni to *amnion*, stąd określenie **amniopunk cja** albo amniocenteza). Lekarz może też zdecydować się na

pobranie krwi pępowinowej lub **biopsję trofoblastu** (pobranie wycinka łożyska). Wiąże się z tym niewielkie ryzyko uszkodzenia płodu, dlatego lekarz obserwuje nakłuwanie za pomocą ultrasonografu.



Amniopunkcja (A) i biopsja trofoblastu (B) dostarczają komórki do badań cytogenetycznych

Inwazyjne badania prenatalne wykonuje się tylko w określonych medycznie sytuacjach. O tym, że czasem warto podjąć takie ryzyko świadczy dziś cały szereg operacji chirurgicznych wykonanych jeszcze w łonie matki. Noworodki poddawane są **badaniom pourodzeniowym**. Badania takie mają charakter przesiewowy - pozwalają wykryć i podjąć wczesne leczenie zanim choroba się rozwinie. W badaniach pourodzeniowych stosuje się np. molekularne testy diagnostyczne ujawniające nieprawidłowości w genie CFTR (odpowiedzialne za rozwój mukowiscydozy) oraz biochemiczne testy krwi ujawniające fenyloketonurię.

6.4. Podsumowanie

- Choroby genetyczne jednogenowe spowodowane mutacjami w obrębie jednego genu i dziedziczone wg praw Mendla:
    - Autosomalne – wywołane mutacjami w autosomach,

prawdopodobieństwo wystąpienia nie jest zależne od płci. Dzielą się na dominujące i recesywne. Dominujące to np.: choroba Huntingtona: mutacja genu w chromosomie 4., nieprawidłowe białko niszczy neurony, niekontrolowane ruchy (pląsawica). Recesywne to np. anemia sierpowata: zmiana budowy i właściwości hemoglobiny, zniekształcone, księżycowate erytrocyty, mukowiscydoza: zaburzenie transportu jonów w komórkach nabłonka układów oddechowego i pokarmowego, gromadzenie śluzu, fenyloketonuria: brak enzymu rozkładającego fenyloalaninę, uszkodzenie układu nerwowego

    - Sprzężone z chromosomami płci - wywołane mutacjami w chromosomie X, prawdopodobieństwo wystąpienia jest większe u mężczyzn. Przykłady: hemofilia: nieprawidłowa budowa i funkcjonowanie czynnika krzepnięcia krwi, występują częste, trudne do zatamowanie krwawienia zewnętrzne i wewnętrzne, daltonizm: nieprawidłowa budowa czopków w siatkówce oka, upośledzenie widzenia barw

- Choroby genetyczne wielogenowe (warunkowane współdziałaniem szeregu genów). Objawy występują w wyniku interakcji z czynnikami środowiska, np. przewlekła białaczka szpikowa (zmutowane białko przyspiesza podziały komórek macierzystych szpiku kostnego).
- Choroby genetyczne warunkowane mutacjami chromosomowymi liczbowymi. Przykłady: zespół Downa: trisomia 21 chromosomu, dolegliwości fizyczne, upośledzenie umysłowe różnego stopnia; zespół Turnera: monosomia chromosomu X (kariotyp 45, X0), słabo wykształcone cechy żeńskie, wady nerek i serca.

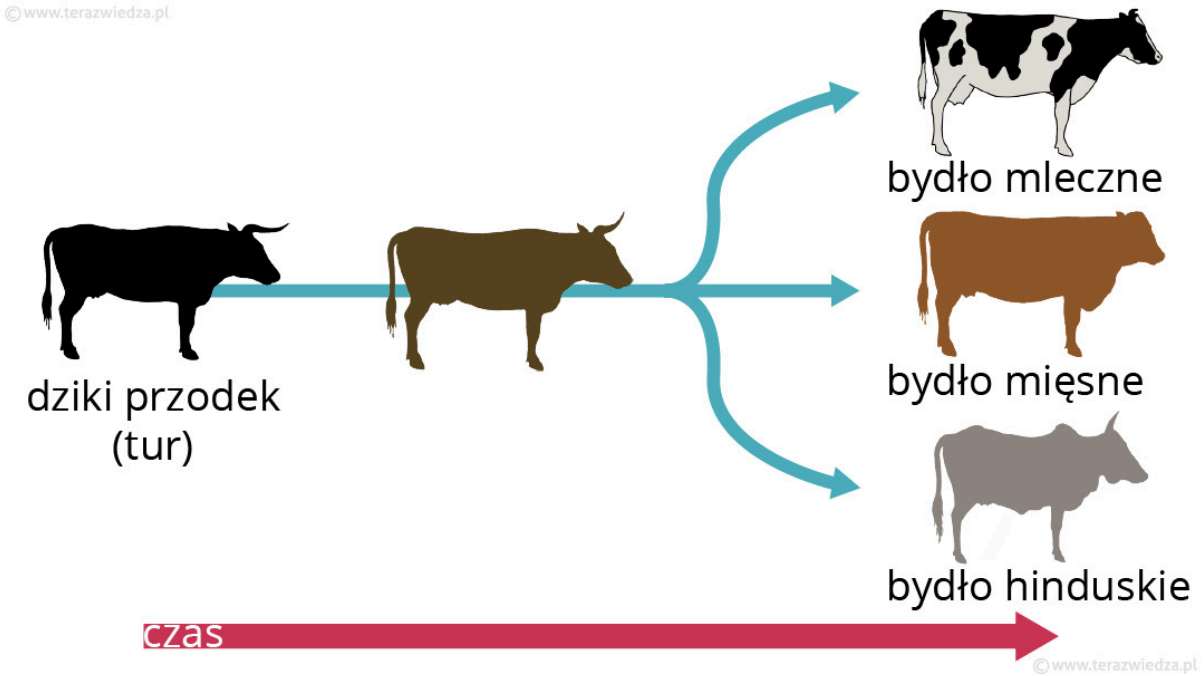
6.5. Polecenia kontrolne

Polecenia kontrolne w postaci pliku pdf możesz pobrać z naszej strony tutaj (wymagane połączenie z internetem).

7. Biotechnologia tradycyjna

Wykorzystanie przez człowieka naturalnie występujących organizmów i produkowanych przez nie substancji oraz dobór hodowlany (sztuczną selekcję) nazywamy **biotechnologią tradycyjną**.

Zapewne pierwszymi biotechnologami byli hodowcy, którzy tysiące lat temu zauważyli, że niektóre rośliny i zwierzęta mają więcej pożądanych cech niż ich rodzeństwo. Zaczęli więc prowadzić świadomą selekcję takich osobników. Z czasem potrafili otrzymać nowe rasy i odmiany, których przydatność była wielokrotnie większa niż ich dzikich przodków.



Istota selekcji sztucznej na przykładzie bydła domowego (animacja dostępna jest na stronie internetowej)

Udomawianie zwierząt zaczynano zapewne od oswajania. Osobniki, które nie bały się człowieka były już dość pewnym źródłem pożywienia oraz materiałów do wyrobu odzieży i schronień. Na tym etapie dużo łatwiej można było już kontrolować rozród i uzyskiwać osobniki o istotnie przekształconych cechach. Pierwszym **udomowionym** zwierzęciem był pies domowy - drapieżnik, którego przodkowie „poszli na współpracę" już 15 tys. lat temu.

Przodkami podstawowych **roślin uprawnych** były dzikie trawy i rośliny

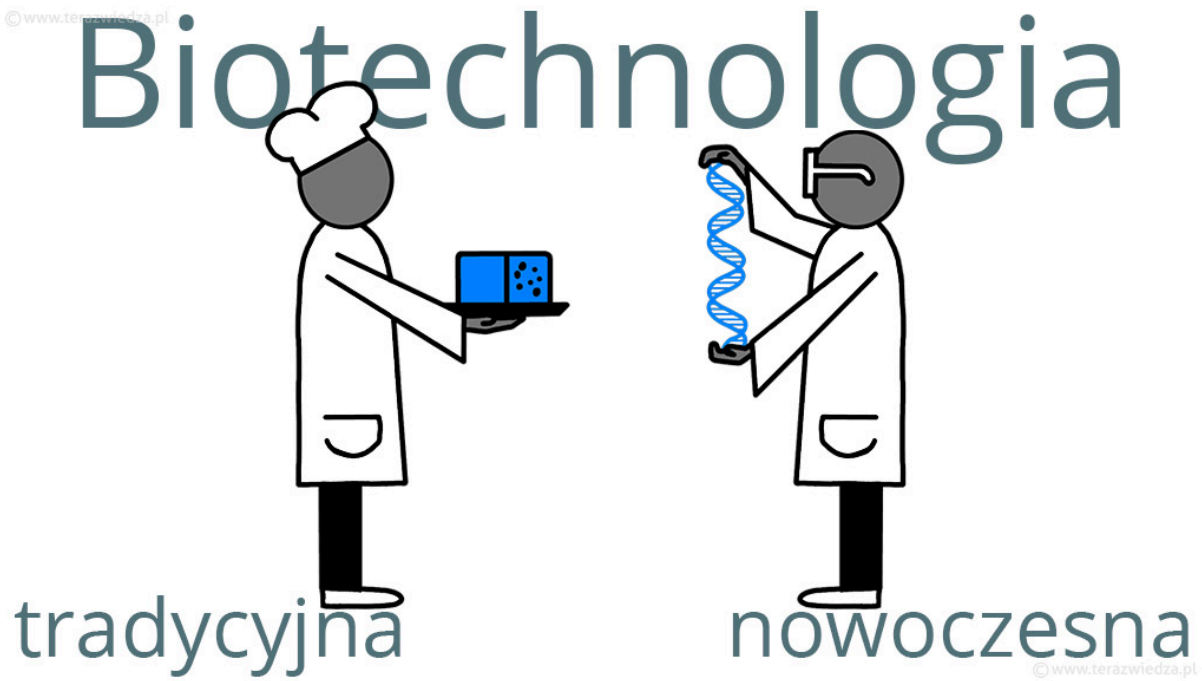
strączkowe o dużych nasionach. Początkowo rolnicy potrafili jedynie usuwać chwasty i chore osobniki. Ich następcy dostrzegli zalety wysiewania największych nasion, a później nauczyli się krzyżować ze sobą różne gatunki. Pierwszymi roślinami uprawnymi były zboża: pszenica i jęczmień oraz rośliny strączkowe - soczewica i wyka.

Odmiany rośliny ozdobnej - dziwaczka peruwiańskiego (*Mirabilis jalapa*) uzyskane metodami selekcji hodowlanej

Metody i techniki biotechnologii tradycyjnej stanowią dzisiaj podstawę przemysłu spożywczego. Przykładem może być wykorzystanie właściwości **fermentacji**. Jak wiesz, jest ona procesem stopniowego, beztlenowego rozkładu związków organicznych (głównie cukrów, rzadziej aminokwasów). Fermentację przeprowadzają dość liczne bakterie i niektóre jednokomórkowe grzyby. W ten sposób organizmy te pozyskują energię użyteczną biologicznie (ATP). Produktami fermentacji są np. kwas mlekowy (fermentacja mlekowa), alkohol etylowy (fermentacja alkoholowa) czy kwas masłowy (fermentacja masłowa). Produkty te wykorzystywane są do konserwowania żywności i produkcji takich artykułów spożywczych, jak jogurty, kefiry, sery pleśniowe, ciasta, chleb oraz piwo i wino. Z kolei w produkcji octu wykorzystywany jest proces pseudofermentacji octowej.

Fermentacja mlekowa

W przemyśle wydobywczym zdolność zakwaszania środowiska przez chemoautotroficzne bakterie siarkowe z rodzaju *Thiobacillus* wykorzystywana jest do wymywania (bioługowania) miedzi z ubogich rud, których eksploatacja metodami konwencjonalnymi jest nieopłacalna. Na koniec dodajmy jeszcze, że biotechnologia szybko się zmienia i czasem trudno jest wskazać, gdzie kończą się techniki tradycyjne, a zaczynają nowoczesne. Przykładem są nowe, opracowane metodami inżynierii genetycznej szczepy *Thiobacillus* z rodzaju *Lactococcus* i *Lactobacillus*, wykorzystywane w produkcji nowych serów, jogurtów i kefirów albo prace nad „poprawianiem" mikoryzy roślin stanowiących źródło biomasy.



7.1. Podsumowanie

- Biotechnologia tradycyjna - interdyscyplinarna dziedzina nauki wykorzystująca naturalne procesy biologiczne, w tym biochemiczne i interakcje ekologiczne na skalę przemysłową; stosowana przez człowieka od tysięcy lat.
- Wykorzystanie procesów biotechnologii tradycyjnej (przykłady):
  - w rolnictwie - uzyskiwanie pożądanych cech roślin uprawnych i zwierząt hodowlanych poprzez krzyżowanie wyselekcjonowanych osobników (dobór sztuczny),
  - w przemyśle spożywczym: konserwowanie żywności, wytwarzanie alkoholi oraz produktów spożywczych z wykorzystaniem mikroorganizmów oraz procesów fermentacyjnych,
  - w przemyśle wydobywczym, np. bioługowanie miedzi z ubogich złóż,
  - w ochronie środowiska: neutralizacja i oczyszczanie ścieków komunalnych i przemysłowych, otrzymywanie biogazu i biopaliw,

- w medycynie: pozyskiwanie różnych substancji chemicznych, np. antybiotyków, witamin.

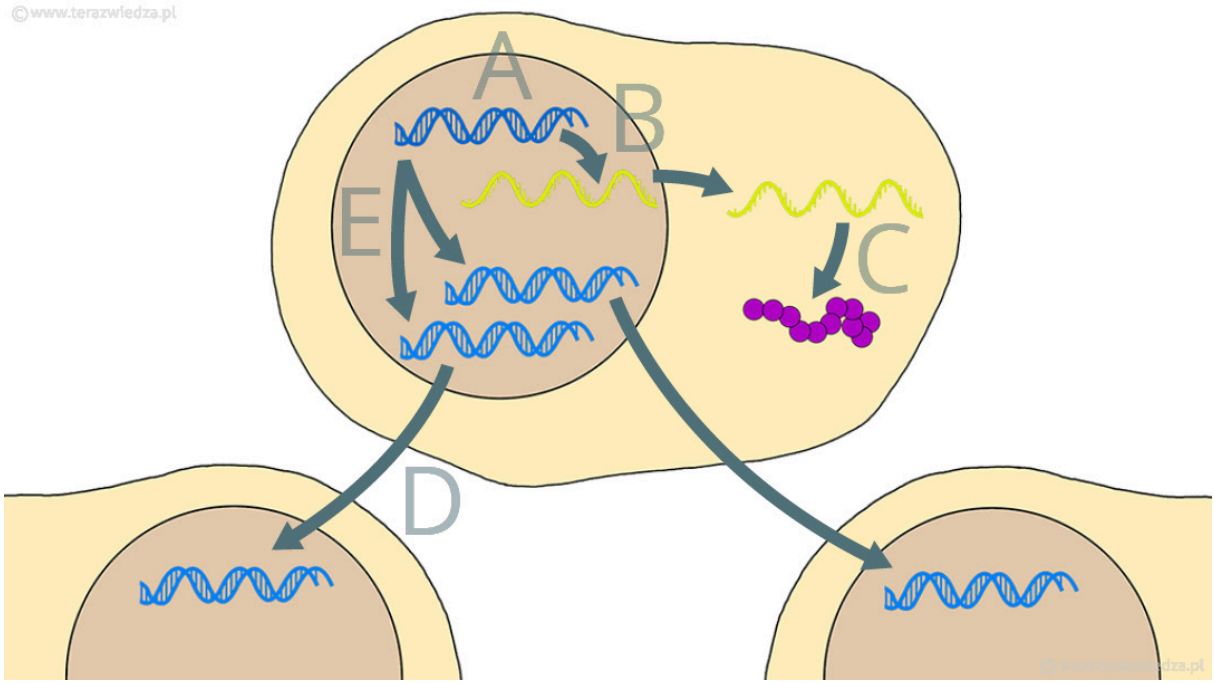
7.2. Polecenia kontrolne

Polecenia kontrolne w postaci pliku pdf możesz pobrać z naszej strony tutaj (wymagane połączenie z internetem).

8. Inżynieria genetyczna

Znajomość kodu genetycznego, kwasów nukleinowych i białek, a także przebiegu replikacji, transkrypcji oraz translacji stanowi podstawę działań **inżynierii genetycznej**. Spójrzmy teraz na przedstawiony poniżej schemat głównych kierunków przepływu informacji genetycznej w komórkach. Znajomość struktury kwasów nukleinowych i replikacji można wykorzystać do ustalenia sekwencji nukleotydowych, a także do powielania i przenoszenia szukanych genów. Możliwe jest też porównywanie genów i genomów różnych organizmów.

Mechanizm transkrypcji i translacji można wykorzystać do syntezy wybranych białek. Możliwe jest już nawet komputerowe projektowanie genów i otrzymywanie zupełnie nowych białek.



Wykorzystanie osiągnięć genetyki jako nauki podstawowej w inżynierii genetycznej (podane przykłady mają charakter orientacyjny)

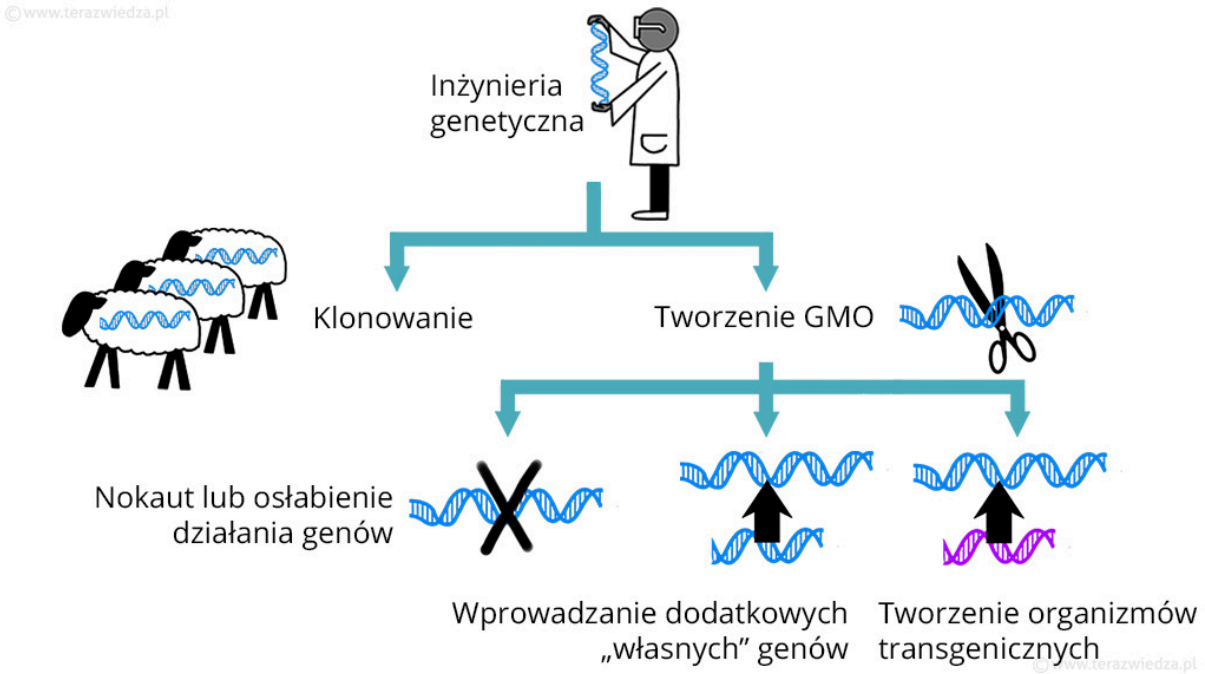
A. Wiedzę o mechanizmach transkrypcji i translacji wykorzystamy do syntezy określonych białek.

B. Wiedzę o mechanizmach transkrypcji wykorzystamy do syntezy określonych rodzajów mRNA. Znajomość modyfikacji potranskrypcyjnych u eukariontów umożliwi przygotowanie takiego mRNA lub DNA, które będzie mogło zostać wykorzystane w komórkach bakterii.

C. Znajomość mechanizmów regulujących podziały komórkowe można wykorzystać przeprowadzając klonowanie komórek lub organizmów.

D. Wiedząc, że informacja genetyczna zawarta jest w kolejności ułożenia nukleotydów podejmiemy działania zmierzające do znalezienia i zsekwencjonowania genów.

Ludziom niezorientowanym inżynieria genetyczna kojarzy się jedynie z przenoszeniem genów między organizmami. W rzeczywistości są to liczne **techniki** umożliwiające powielanie (klonowanie) całych organizmów o pożądanych cechach, usuwanie i zmienianie aktywności określonych genów, izolowanie, modyfikację i wszczepianie własnych genów, a wreszcie przenoszenie oraz ekspresję wybranych genów. Jak widać, inżynieria genetyczna pozwala uzyskiwać organizmy ze sztucznie zmienionym DNA (a więc o celowo zmienionych wybranych cechach fenotypowych). Nazwano je organizmami zmodyfikowanymi genetycznie – **GMO** (od ang. Genetically Modified Organism). GMO są także **organizmy transgeniczne**, czyli takie, które mają wbudowane geny innych gatunków (transgeny).



Inżynieria genetyczna zajmuje się zmienianiem materiału genetycznego organizmów

Uwaga: Obecnie coraz częściej określenia: organizm zmodyfikowany genetycznie i organizm transgeniczny traktowane są jak synonimy. My pozostaniemy przy klasycznym ujęciu, ponieważ jest bardziej klarowne

(m.in. dobrze oddaje naturę transgenów).

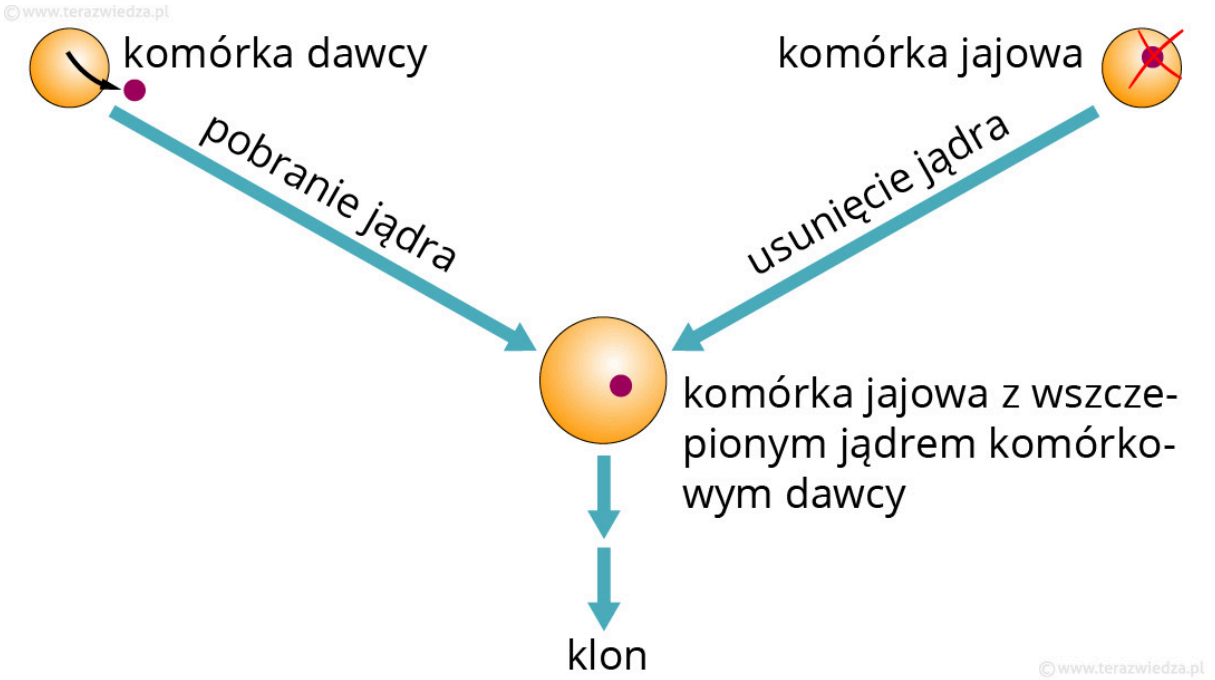
8.1. Cele strategiczne

Klonowanie reprodukcyjne jest techniką pozwalającą na uzyskanie organizmu potomnego (klonu), będącego genetycznie identyczną kopią organizmu macierzystego. W założeniach ten rodzaj klonowania ma przyspieszyć prace hodowców: przez powielenie osobnika o wybitnie pożądanych cechach uzyskanego w czasie prac hodowlanych lub powielenie osobnika GMO. Klonowanie roślin, ze względu na ich zdolność do rozmnażania wegetatywnego, jest dość proste. Fragmenty takiej rośliny umieszcza się na specjalnej pożywce, która pobudza rozwój tkanki kalusowej. Z niej rozwijają się całe nowe rośliny.

Klonowanie tytoniu szlachetnego z wykorzystaniem właściwości tkanki kalusowej. Naturalnie tkanka ta powstaje w miejscu uszkodzenia rośliny. Komórki kalusa szybko dzielą się i powodują stopniowe zabliźnianie się rany (stąd dokreślenie merystem przyranny). W laboratorium kalus pobudzony mieszaniną hormonów roślinnych może odtworzyć całą roślinę

Klonowanie zwierząt jest dużo trudniejsze. Zwykle proces polega na transferze jądra komórkowego. Przeszczepia się jądro komórki somatycznej lub embrionalnej do komórki jajowej, której własne jądro zostało wcześniej usunięte. Powstała w ten sposób „zygota” pobudzana jest do rozwoju, po

czym zarodek zostaje przeniesiony (implantowany) do dróg rodnych samicy (matki zastępczej). W innej metodzie - podziału bliźniaczego - wykorzystuje się narzędzia mikrochirurgiczne do podzielenia kilkukomórkowego zarodka. Rozdzielone części zarodka rozwijają się w odrębne osobniki. Metoda ta naśladuje więc naturalne procesy prowadzące do powstania bliźniąt jednojajowych (monozygotycznych).

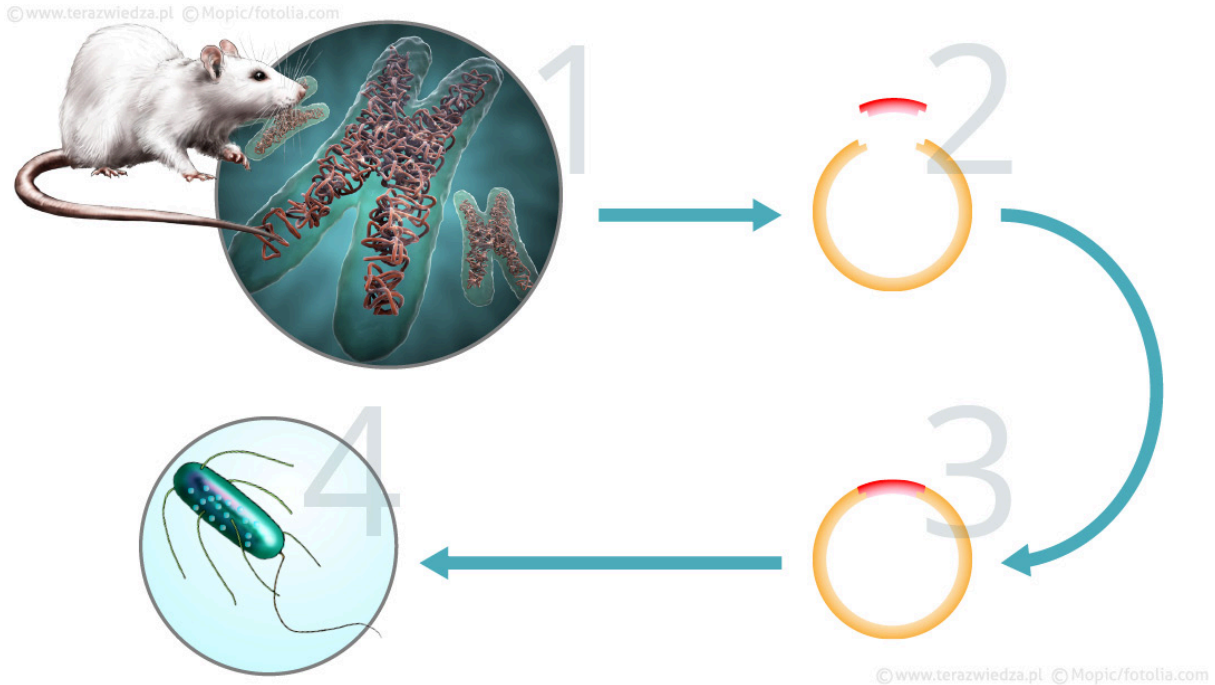


Zwierzęta klonuje się najczęściej przez przeszczepienie jądra komórki somatycznej

8.2. Zasady ogólne

Zanim zaczniemy analizować techniki inżynierii genetycznej, zwróćmy uwagą na jedno z najtrudniejszych zadań - dostarczenie genu we właściwe miejsce w taki sposób, żeby jego produkt był aktywny. Ponieważ nie można przenosić genów „tak po prostu", trzeba je najpierw odpowiednio opakować. Najczęściej molekularnym opakowaniem genów są **wektory genetyczne**, czyli niewielkie cząsteczki DNA wprowadzające żądane sekwencje DNA do komórek docelowych. Załóżmy, że w chromosomie myszy znaleziono locus genu kodującego hormon wzrostu. Za pomocą odpowiedniej techniki wycięto ten gen i połączono z plazmidem bakterii. W ten sposób plazmid stał się wektorem przenoszącym gen dawcy (transgen). Wektor wprowadzono do komórki bakterii *E. coli* (biorcy), która zaczęła

wytwarzać mysi hormon wzrostu. Powodzenie operacji oznacza, że doszło do transformacji genetycznej, a zmieniona komórka bakterii stała się organizmem transgenicznym (jednocześnie organizmem zmodyfikowanym genetycznie - GMO).



Modelowy przykład uzyskiwania organizmu transgenicznego

1. Znaleziono poszukiwany gen, zdołano go wyizolować i przygotować do połączenia z wektorem.
2. Przygotowano wektor plazmidowy.
3. Transgen połączono z wektorem.
4. Kompleks wektor-transgen przeniesiono do komórki bakterii.

Opisany przed chwilą przykład został bardzo uproszczony, ale wskazuje kluczowe problemy, które muszą rozwiązywać inżynierowie genetycy. Zapisaliśmy je poniżej w postaci kilku obrazowych haseł o charakterze mnemonika. Na kolejnych stronach wyjaśnimy, co kryje się pod poszczególnymi pojęciami.

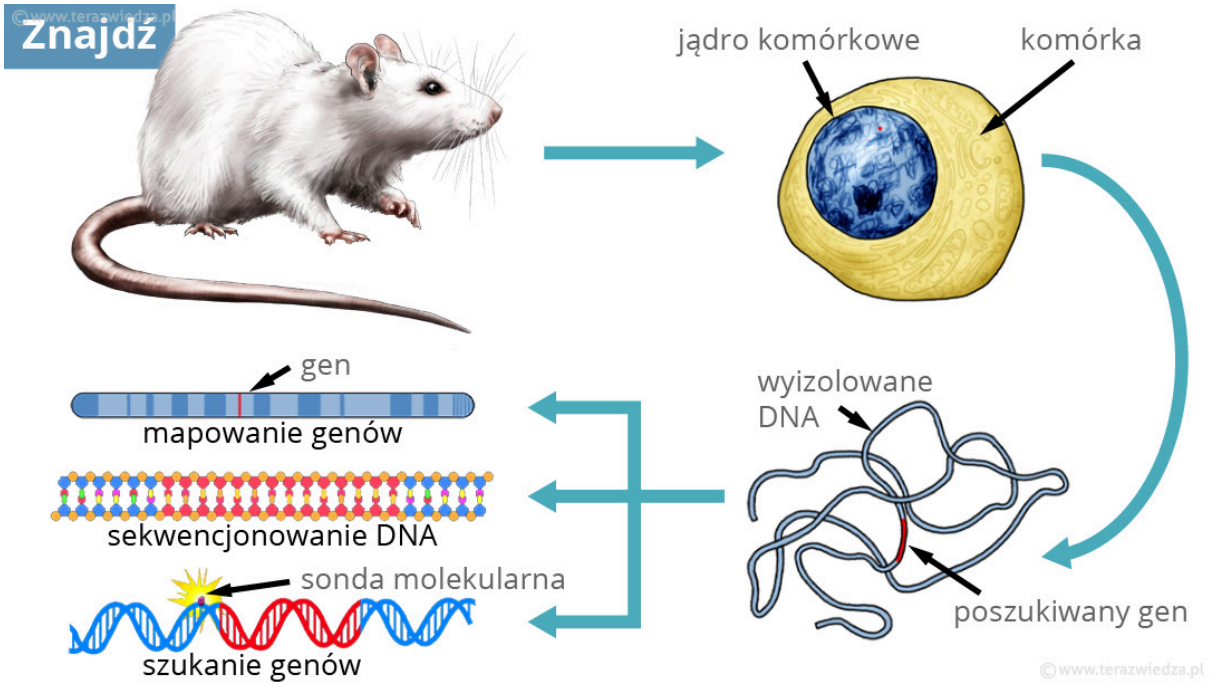
Mnemonik: ZNAJDŹ, WYTNIJ, ODDZIEL, POWIEL i PRZENIEŚ.

8.3. Podstawowe techniki inżynierii genetycznej

ZNAJDŹ

Pierwsze mapy genetyczne zawdzięczamy T. Morganowi, który ustalał

położenie genów w chromosomach w sposób pośredni, dokonując wielu krzyżowek muszki owocowej i anlizując ich wyniki. Kilkadziesiąt lat później, gdy rozwinięto metody rozdzielania komórek i fragmentowania ich DNA, ustalono sekwencje pojedynczych genów, a także genomów najprostszych organizmów prokariotycznych. Dalszy rozwój technik komputerowych spowodował, że zmieniono podejście. Podjęto wysiłek zsekwencjonowania* całych genomów eukariotycznych (w tym człowieka). Następnym etapem była anotacja, czyli proces identyfikacji genów, określania ich położenia i przypisywania im funkcji biologicznych. W odniesieniu do prokariontów anotacja jest stosunkowo prosta (zadanie ułatwiają: haploidalny genom i brak intronów). Gorzej ma się sprawa z organizmami eukariotycznymi. Mają nie tylko znacznie więcej DNA zorganizowanego w chromatynę i geny z sekwencjami intronowymi. Przede wszystkim sekwencje kodujące zajmują tylko niewielki procent całego DNA i są w nim bezładnie rozrzucone. Anotacja jest więc wciąż żmudna i wymaga m.in. użycia sond molekularnych (por. rozdz. 9.1 i 9.4).



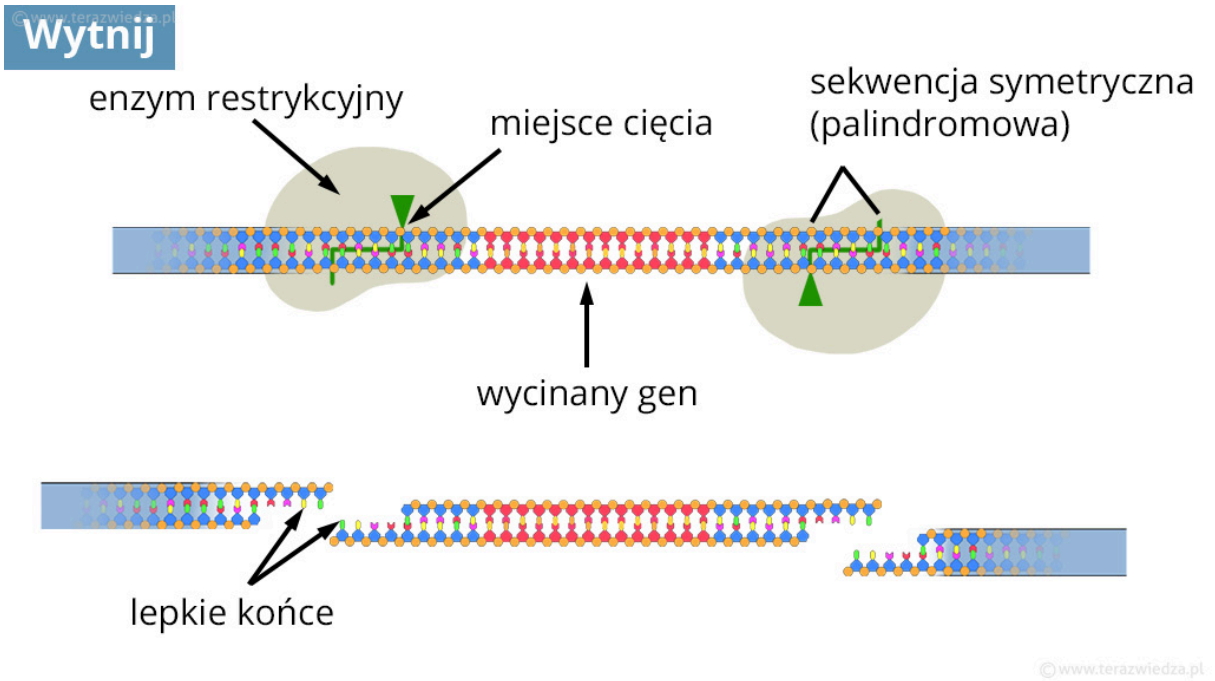
Określenie „znajdź” jest nieprecyzyjne i może oznaczać mapowanie genów, sekwencjonowanie poszczególnych genów lub całego genomu, a także wyszukiwanie określonych odcinków DNA

*Dzisiaj sekwencjonowanie odcinków DNA błyskawicznie

przeprowadzają zautomatyzowane urządzenia - sekwenatory. Wyniki są przesyłane do komputerów, które umożliwiają dalszą obróbkę danych.

WYTNIJ

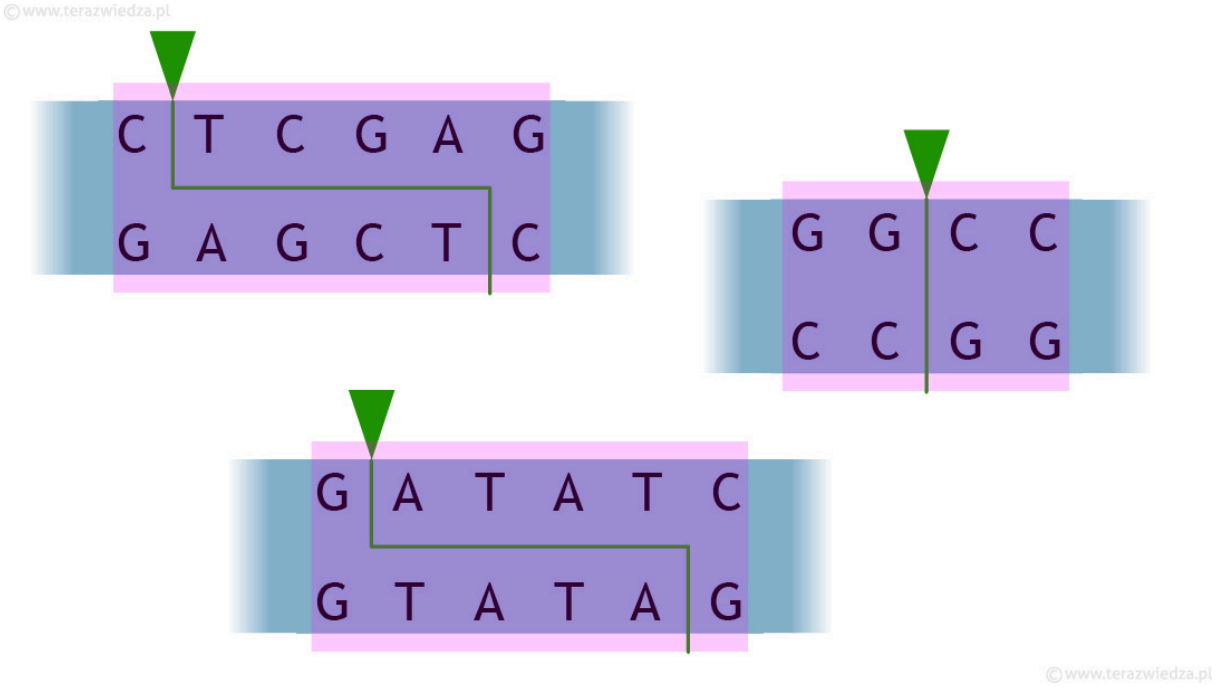
Jednym z najważniejszych osiągnięć inżynierii genetycznej było odkrycie molekularnych „nożyczek" pozwalających rozcinać cząsteczki DNA. Tymi „nożyczkami" są bakteryjne **enzymy restrykcyjne**. Określenie restrykcyjne oznacza, że rozkładają obce DNA. Ich właściwością jest to, że rozpoznają określone krótkie, symetryczne* sekwencje nukleotydów (zwykle długości 4-8 par) i tylko tam rozcinają cząsteczki DNA. Własne DNA bakterie chronią modyfikując chemicznie zasady azotowe. Niektóre enzymy restrykcyjne nie tylko nacinają określone miejsca, ale także pozostawiają niesparowane końce. Nazwano je **lepkimi**, ponieważ mogą się samorzutnie łączyć (parować) z innymi komplementarnymi lepkimi końcami. Skoro enzymy restrykcyjne tną każde niezabezpieczone DNA, można je wykorzystać do fragmentowania materiału genetycznego zarówno wirusów, jak i organizmów prokariotycznych oraz eukariotycznych.



Cząsteczki pocięte enzymami restrykcyjnymi pozostawiającymi lepkie końce pasują do siebie niczym połówki rozdartego banknotu

Dany enzym restrykcyjny potnie długą cząsteczkę DNA wszędzie tam, gdzie rozpozna „swoją" sekwencję. Znając sekwencje leżące przed i za

genem, który chcemy „wyciąć” (wyizolować) trzeba więc po prostu zastosować odpowiedni enzym restrykcyjny. Dzisiaj w Internecie można zamówić praktycznie dowolny enzym restrykcyjny.



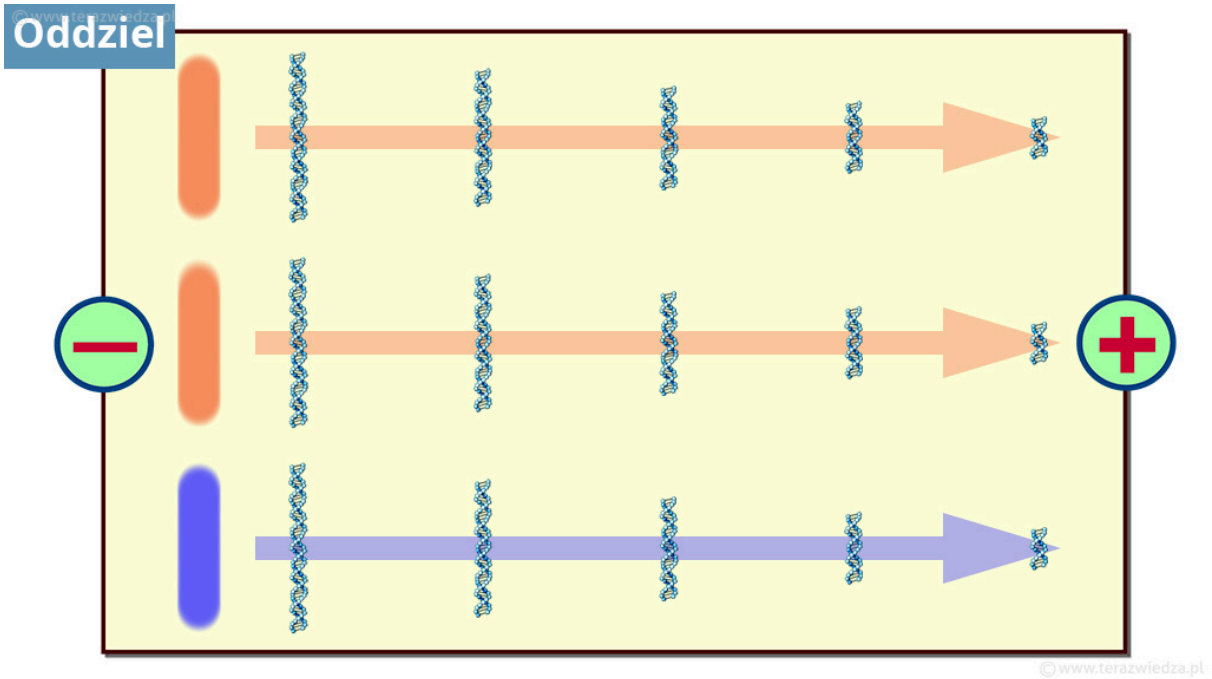
Przykładowe miejsca (sekwencje) rozpoznawane przez enzymy restrykcyjne

Sekwencje te nazywane są palindromowymi. Palindrom w językoznawstwie oznacza słowo lub wyrażenie, które brzmi identycznie czytane od lewej do prawej i od prawej do lewej (np. KAJAK). Podobnie jest z sekwencjami rozpoznawanymi przez enzymy restrykcyjne.

ODDZIEL

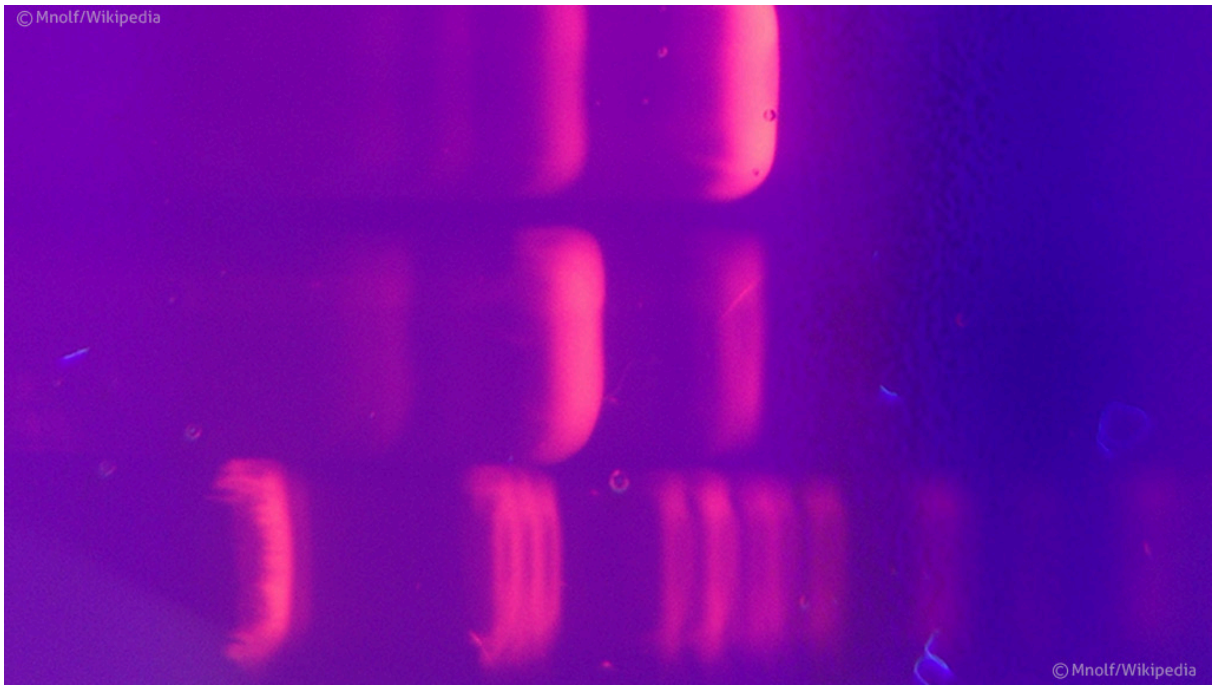
Skutkiem działania enzymu restrykcyjnego jest mieszanina wielu fragmentów DNA o różnej długości. Zawiera ona nie tylko szukany przez nas gen, ale także wiele innych fragmentów DNA znajdujących się między miejscami cięcia. Do rozdzielenia odcinków DNA wykorzystuje się zjawisko **elektroforezy**, czyli wymuszonej wędrówki cząsteczek chemicznych w polu elektrycznym. W elektroforezie DNA wykorzystuje się fakt, że jego cząsteczki mają niewielki ujemny ładunek elektryczny. Prędkość przesuwania się (zwana ruchliwością elektroforetyczną) zależy głównie od wielkości cząsteczki, czyli w przypadku kwasów nukleinowych od długości łańcucha nukleotydów. Do elektroforezy DNA używa się żelu, na który nanosi się badane próbki zawierające łańcuchy nukleotydów o

nieznanej długości. Po włączeniu źródła prądu cząsteczki DNA powoli wędrują w stronę elektrody dodatniej.



Schemat elektroforezy DNA (na naszej stronie internetowej obejrzysz animację)

Kilkadziesiąt minut później prąd jest wyłączany, a do żelu dodawany jest fluorescencyjny znacznik. W świetle lampy UV widoczne są wówczas prążki pokazujące położenie cząsteczek DNA (oczywiście najkrótsze znajdują się najdalej od linii startu). Znając prędkość przemieszczania się i porównując wyniki z próbą kontrolną, można określić długość badanych odcinków DNA.

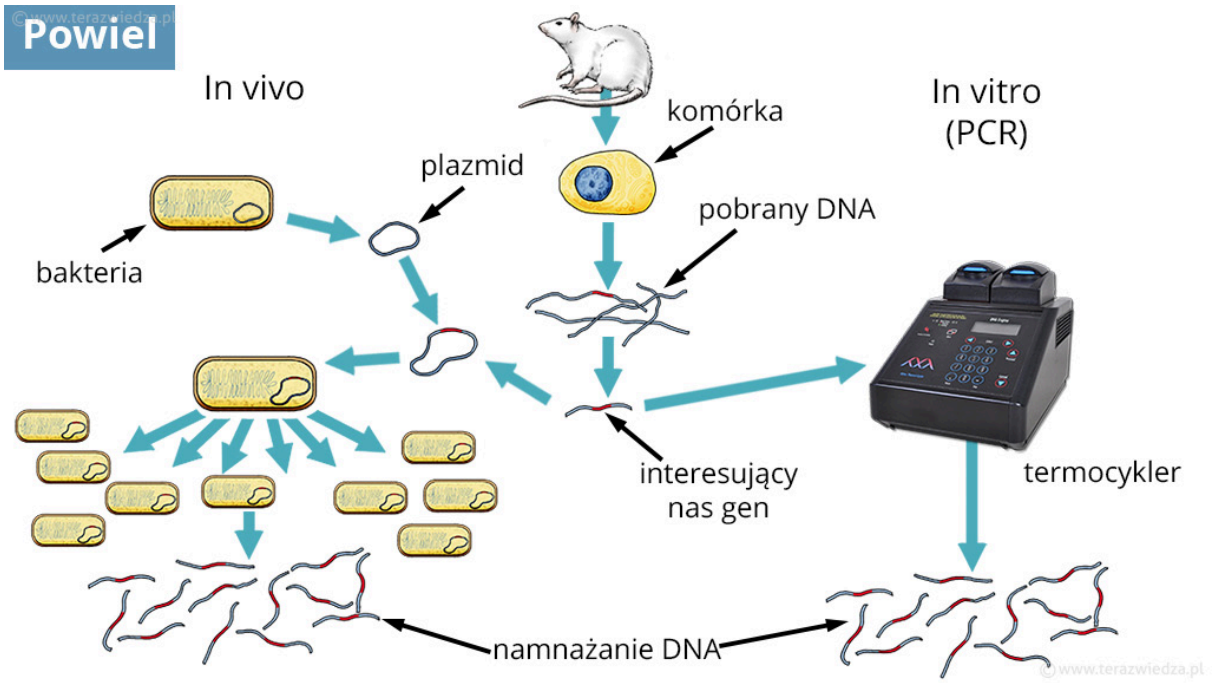


Prążki rozdzielonych łańcuchów DNA widziane w świetle ultrafioletowym

Uwaga: Za pomocą elektroforezy można rozdzielać nie tylko fragmenty DNA, ale także RNA oraz białka. Ta czuła metoda ma więc szerokie zastosowanie w rozdzielaniu złożonych polimerów organicznych.

POWIEL

DNA rozdzielony przy pomocy elektroforezy można wyciąć z żelu i poddać dalszym badaniom lub modyfikacji. Ich przeprowadzenie najczęściej wymaga użycia wielu kopii tego fragmentu. Aby je uzyskać, stosuje się dwie metody klonowania. Pierwsza - *in vivo* - polega na połączeniu wyciętego genu z plazmidem, który zostaje przeniesiony do komórki bakterii. Jej podziały w krótkim czasie prowadzą do powstania wielu komórek potomnych. W każdej z nich znajdować się będzie interesujący nas plazmid (cząsteczki te, tak jak genofor ulegają replikacji). Tańsza i szybsza metoda nazywana **łańcuchową reakcją polimerazy** (PCR) polega na użyciu urządzeń zwanych termocyklerami*, które automatycznie namnażają krótkie cząsteczki DNA.



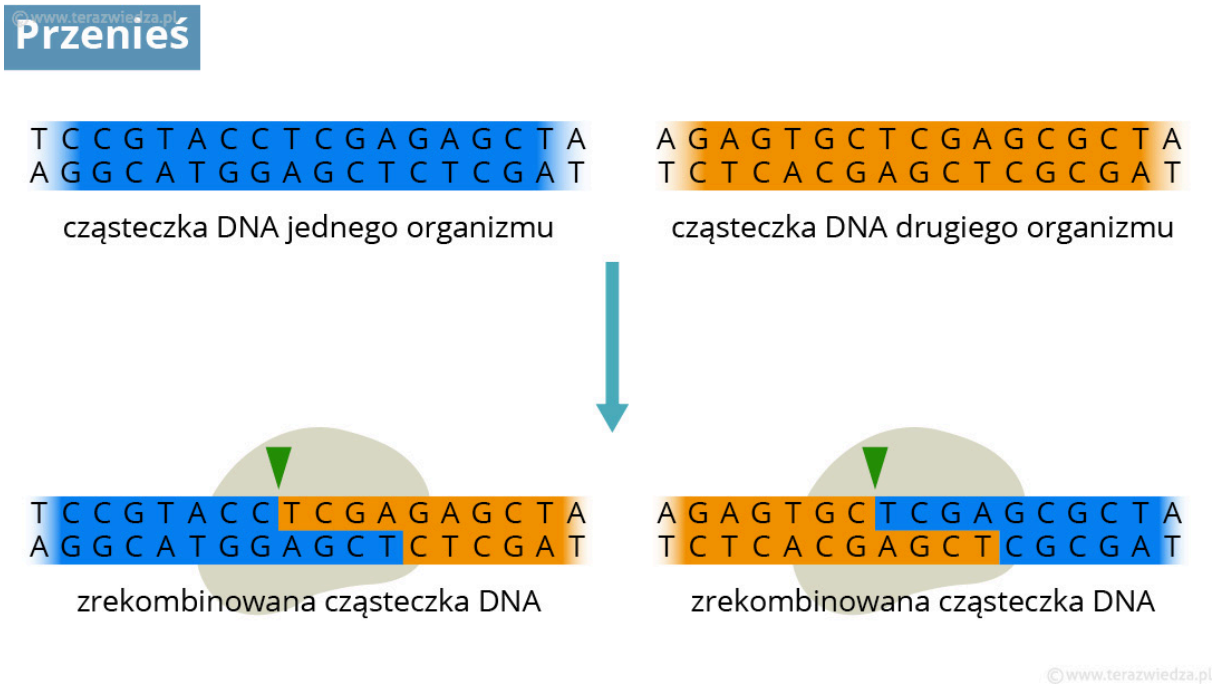
Ogólna zasada klonowania DNA metodą *in vivo* oraz *in vitro*

Dla zainteresowanych! Do powielania DNA termocyklery wykorzystują naturalny enzym - polimerazę DNA. Jest to polimeraza z archebakterii *Thermus aquaticus* żyjącej w gorących źródłach (odporna na wysokie temperatury). W dużym uproszczeniu proces kopiowania w termocyklerze polega na zmienianiu temperatury roztworu, w którym zawieszone są cząsteczki DNA, polimeraza i trifosforany nukleozydów. Podgrzanie do temp. ok. 95°C powoduje rozdzielenie nici DNA, wówczas temperatura jest obniżana i polimeraza syntetyzuje brakujące, komplementarne nici. Ponowne podgrzanie mieszaniny rozdziela nici potomnego DNA, schłodzenie zaś umożliwia pracę polimerazy. Cykl podnoszenia i obniżania temperatury powtarzany jest wielokrotnie (por. nazwa urządzenia), co prowadzi do powstania niemal dowolnej liczby kopii.

PRZENIEŚ

Nieco wcześniej opisaliśmy ogólnie tworzenie wektora plazmidowego służącego do przeniesienia mysiego genu hormonu wzrostu. Teraz zwróćmy uwagę, że cząsteczki DNA myszy i plazmidu bakterii na pewno przecięto tym samym enzymem restrykcyjnym. Po sparowaniu lepkich końców nukleotydy każdej z nici rekombinowanego DNA musiały jeszcze zostać połączone wiązaniami kowalencyjnym. Użyto do tego enzymu ligazy.

Dopiero po **ligacji DNA** otrzymaliśmy **czynny wektor** (wektor z wbudowanym transgenem), który mógł zostać przeniesiony. Możliwość selektywnego cięcia, parowania i ligacji wykorzystuje się także do tworzenia wektorów wirusowych oraz sztucznych chromosomów eukariotycznych. Bakteriofagi, np. fag lambda, wykorzystywane są jako „paczki" genów adresowanych do komórek prokariotycznych, retrowirusy mogą zaś dostarczać transgeny do komórek zwierzęcych. Stosowanie różnych wektorów jest koniecznością. Na przykład wektory plazmidowe zawierające odcinki regulujące transkrypcję stosujemy, aby uzyskać wydajną syntezę białek (wektory ekspresyjne). Inne wektory plazmidowe, z odcinkami inicjującymi replikację, stosuje się do klonowania DNA (wektory klonujące).

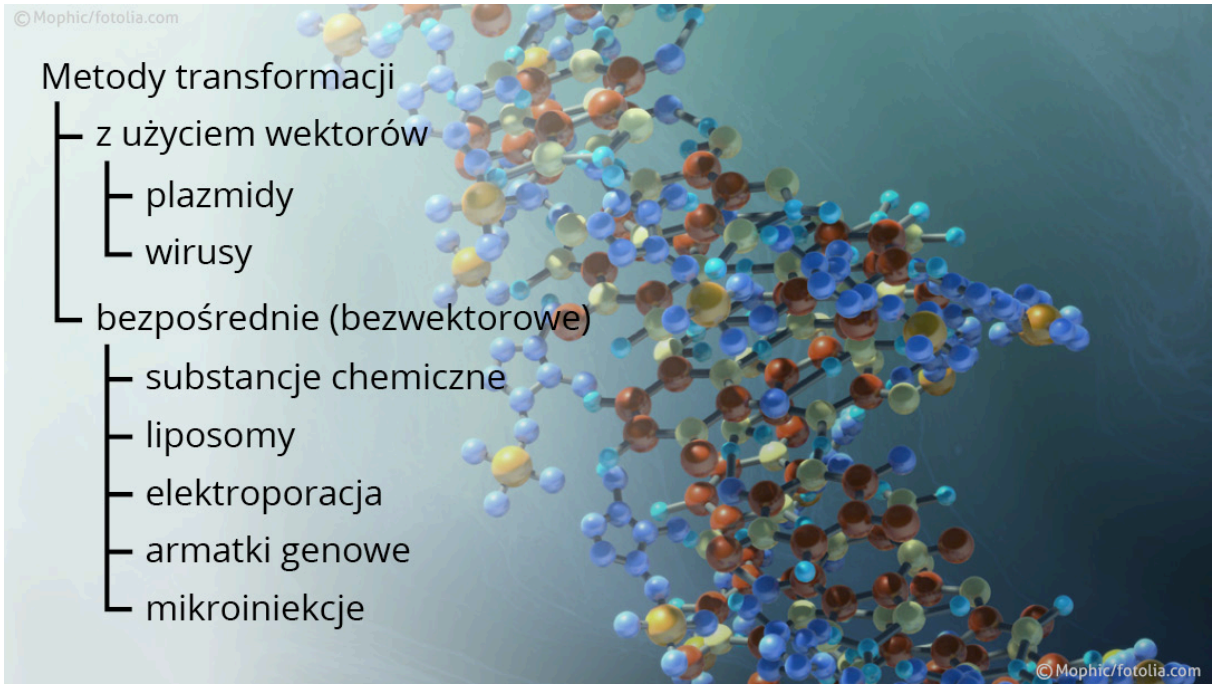


Lepkie końce dają możliwość łączenia DNA różnych organizmów (osobników) oraz wirusów

Wektory retrowirusowe umożliwiają integrację przenoszonej sekwencji do genomu biorcy (np. człowieka, owcy, krowy). Dodajmy, że przed wykorzystaniem, wektory genetyczne są „rozbrajane". W przypadku wirusów modyfikacja taka oznacza m.in. usunięcie odcinków kodujących białka wirusowe niezbędne do zrealizowania pełnego cyklu życiowego. Komórki można też transformować, przenosząc DNA bez użycia wektora.

Transformacja bezpośrednia wymaga pokonania bariery, jaką stanowią błony biologiczne komórki-biorcy (błona komórkowa i w mniejszym stopniu - błony otoczki jądrowej). Stosuje się tu różne substancje chemiczne zmieniające przepuszczalność błony komórkowej, zamykanie DNA w liposomach (malutkich pęcherzykach lipidowych), serie niewielkich impulsów elektrycznych (elektroporacja błony komórkowej), armatki genowe oraz mikroiniekcje (por. rozdz. 9.5).

Najczęściej zakres modyfikacji materiału genetycznego, więc i skutki transformacji genetycznej, są stosunkowo niewielkie. Podstawowe przyczyny takiego stanu rzeczy są dwie: po pierwsze najczęściej zależy nam na jednym, konkretnym efekcie fizjologicznym, np. rozpoczęciu syntezy hormonu wzrostu. Drugą przyczyną są trudności związane z przenoszeniem większej liczby genów (wektory mają małą „objętość") i poważnymi, negatywnymi skutkami włączania wielu genów do genomu biorców.



Metody transformacji genetycznej

Dla zainteresowanych! Niektórzy autorzy zmian materiału genetycznego zwierząt nie nazywają transformacją, ponieważ słowo to kojarzy się z transformacją nowotworową. Stosowane przez nich określenie - transfekcja - ma jednak węższe znaczenie: wprowadzenie obcego genu do komórki

eukariotycznej przy użyciu wektora wirusowego. W związku z tym uważamy, że lepiej stosować pełne określenie - transformacja genetyczna.

8.4. Podsumowanie

- Inżynieria genetyczna to dział biotechnologii zajmujący się modyfikacjami genetycznymi organizmów, m.in. poprzez celową ingerencję w ich materiał genetyczny; dynamiczny rozwój od lat siedemdziesiątych XX wieku.

- Cele stosowania technik inżynierii genetycznej:

• tworzenie organizmów transgenicznych (GMO), klonowanie i terapie genowe

• wytwarzanie nowych leków, zwiększanie plonów i wzbogacanie produktów żywnościowych.

- Techniki inżynierii genetycznej - pakiet różnorakich metod umożliwiających powielanie (klonowanie) organizmów, a także usuwanie lub zmienianie aktywności genów oraz izolowanie, przenoszenie i wszczepianie genów.

- Techniki i metody inżynierii genetycznej:

A. Mapowanie i sekwencjonowanie genomów: ustalenie kolejności nukleotydów w kwasach nukleinowych/genach wraz z określeniem ich funkcji (obecnie proces ten jest skomputeryzowany).

B. Stosowanie enzymów restrykcyjnych do fragmentowania DNA na odcinki zawierające tzw. lepkie końce (umożliwiające łączenie fragmentów DNA pochodzących od różnych organizmów).

C. Elektroforeza: wykorzystanie różnic w ruchliwości cząsteczek DNA w polu elektrycznym w celu rozdzielania mieszaniny DNA zawierającej odcinki o różnej długości.

D. Klonowanie (namnażanie) np. uzyskanych w czasie elektroforezy odcinków DNA metodami *in vivo* (z zastosowaniem wektorów genetycznych) lub w termocyklerach w wyniku łańcuchowej reakcji polimerazy (PCR).

E. Transformacja genetyczna - integracja sekwencji DNA dawcy z określoną sekwencją DNA biorcy; (ogólnie - wprowadzenie do komórki biorcy określonej sekwencji DNA dawcy, obejmującej jeden do kilku

genów) metody transformacji genetycznej: pośrednie (z użyciem wektorów) lub bezpośrednie (bezwektorowe).

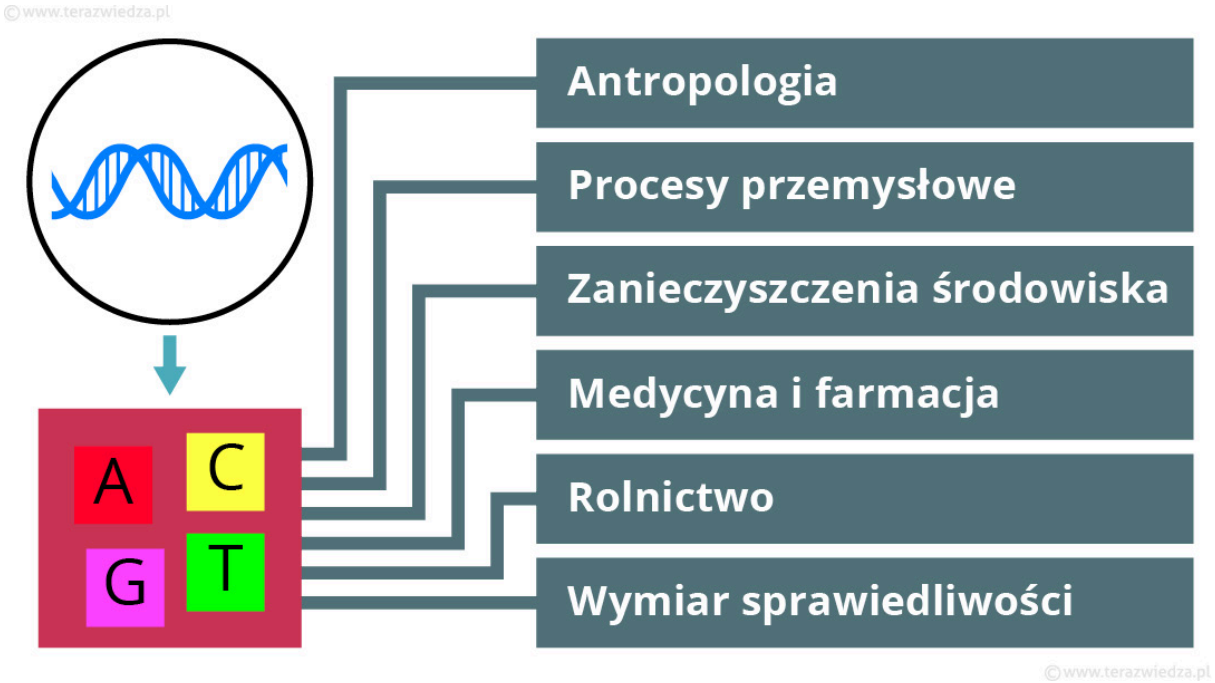
8.5. Polecenia kontrolne

Polecenia kontrolne w postaci pliku pdf możesz pobrać z naszej strony tutaj (wymagane połączenie z internetem).

9. Wykorzystanie rekombinacyjnych technik DNA

Techniki inżynierii genetycznej umożliwiają dzisiaj nie tylko wyszukiwanie, izolowanie i modyfikowanie sekwencji DNA, ale także ich praktycznie nieograniczone „przechowywanie". Najlepszymi biologicznymi magazynami są plazmidy komórek bakterii (np. *Escherichia coli*). Wykorzystując plazmidy, można stworzyć **biblioteki genomowe**.

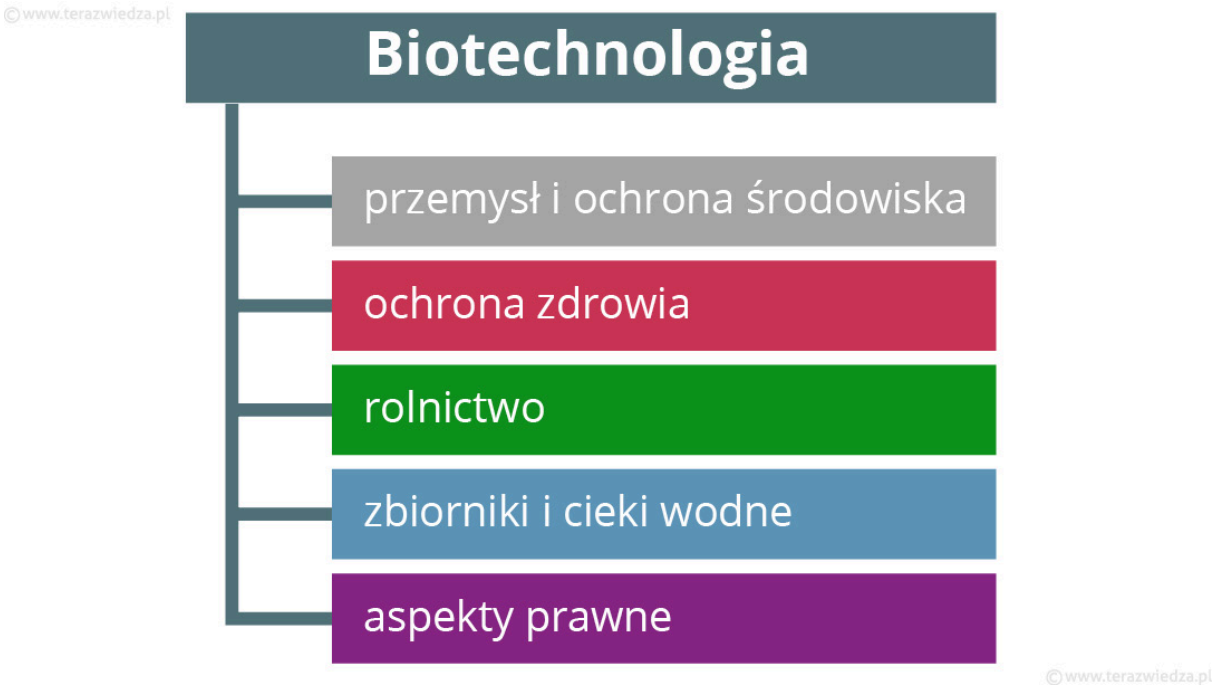
Biblioteka genomowa może być kolekcją komórek bakterii, z których każda ma jeden fragment DNA organizmu połączony z plazmidem albo kolekcją komórek bakterii, których plazmidy połączono z cDNA. W pierwszym przypadku dysponujemy swoistą biblioteką zawierającą kompletny DNA danego organizmu. Biblioteki genomowe wykorzystywane są przede wszystkim w badaniach podstawowych. Tak zwany **cDNA** tworzy się, wykorzystując zjawisko odwrotnej transkrypcji (przepisanie informacji z mRNA na DNA). Zauważmy, że cząsteczka cDNA jest dokładną kopią genu (bez sekwencji intronów, nie ma też promotorów oraz odcinków znajdujących się między eksonami). Kompletna biblioteka cDNA jest więc w zasadzie zestawem instrukcji o budowie wszystkich białek organizmu. Zaletą bibliotek cDNA jest to, że są niewielkie i dają możliwość praktycznego wykorzystania w biotechnologii.



Osiągnięcia inżynierii genetycznej spowodowały, że nowoczesna biotechnologia stała się motorem napędowym wielu dziedzin życia

Gwałtowny rozwój biotechnologii powoduje, że klasyczny podział na **biotechnologię tradycyjną** (stosującą naturalne enzymy, procesy lub organizmy powstałe w skutek ukierunkowanej hodowli) oraz **biotechnologię nowoczesną** (stosującą organizmy zmodyfikowane genetycznie, ich części lub produkty metabolizmu) zaczyna się zacierać. Organizacja Współpracy Gospodarczej i Rozwoju oraz międzynarodowe stowarzyszenie zrzeszające europejskie biotechnologiczne organizacje narodowe zaproponowały ostatnio nowy „kolorowy" podział biotechnologii. I tak **biała biotechnologia** wykorzystuje różne systemy biologiczne w produkcji przemysłowej i ochronie środowiska. **Zielona biotechnologia** stosuje metody inżynierii genetycznej w celu doskonalenia produkcji roślinnej i zwierzęcej. **Czerwona biotechnologia** zajmuje się rozwojem diagnostyki genetycznej, terapiami genowymi, transplantologią i produkcją nowoczesnych białek leczniczych. Wykorzystywana jest więc w ochronie zdrowia. **Niebieska biotechnologia** zajmuje się szeroko rozumianą biotechnologią wód, tj. mórz, jezior i rzek. **Biotechnologia fioletowa** nie jest właściwą dziedziną biotechnologii. Zajmuje się zagadnieniami prawnymi i społecznym (m.in. propagowaniem żywności GM), ochroną praw patentowych, a nawet problemami filozoficznymi i

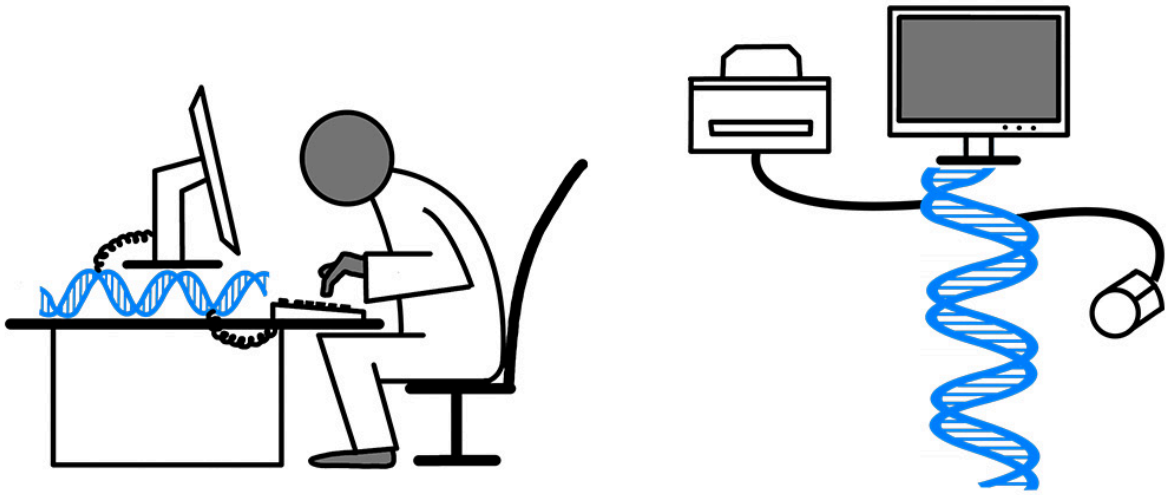
etycznymi. O tym, jak dynamicznie rozwija się biotechnologia świadczy między innymi liczba publikacji. Wiele z nich sygnalizuje i upowszechnia profesjonalny polskojęzyczny portal, który znajdziesz **tutaj**.



Współczesny podział biotechnologii związany jest z dziedzinami życia

Ciekawe! O tym, jak daleko może pójść rozwój biotechnologii niech świadczy przykład wykorzystania nici DNA, jako „urządzenia" do... przechowywania danych komputerowych. Ostatnio zastosowano kodowanie dwójkowe z użyciem nukleotydów DNA (układ T lub G = 1, A lub C = 0). Odczytanie danych zawartych w nici kodującej przebiegało powoli, ponieważ wymagało zsekwencjonowania całego DNA. Istotniejsze były jednak zalety: DNA w temperaturze pokojowej ma trwałość kilku tysięcy lat i w 1 g tej substancji można zapisać 700 terabajtów danych (to 28 tys. jednostronnych dysków Blue Ray!). Być może więc w niedalekiej przyszłości komputer o pamięci pozwalającej zapisać wszystko, co dany człowiek zobaczył w całym życiu będzie stał na biurku w jego domu.

©www.terazwiedza.pl



©www.terazwiedza.pl

Cząsteczka DNA jako twardy dysk? Proszę bardzo

9.1. Antropologia i nauki podstawowe

Jednym z największych przedsięwzięć badawczych ostatnich lat był międzynarodowy **projekt poznania ludzkiego genomu** (ang. Human Genome Project). Jego pierwszym, podstawowym celem było ustalenie sekwencji wszystkich komplementarnych par nukleotydów tworzących ludzki genom. Drugim, wciąż nieukończonym, jest anotacja genów człowieka. Okazało się, że ludzki genom tworzy 3,2 mld par nukleotydów. Olbrzymim zaskoczeniem było stwierdzenie, że zawiera zaledwie około 25 tys. genów. Kolejną niespodzianką była ich wielkość. Przeciętny gen ma aż 27 tys. par nukleotydów, z czego jednak tylko 1,3 tys. tworzy eksony. W jednym z obrazowych komentarzy nasz genom porównano do mocno zaniedbanego garażu pełnego rupieci(sic!). Rupieciami, czyli rzeczami, których przydatność jest mocno wątpliwa, są sekwencje niekodujące tzw. śmieciowego DNA. Co gorsza przedmioty wartościowe, czyli geny oraz sekwencje regulacyjne, są beztrosko porozrzucane.

Pomysłowy sposób prezentacji wielkości ludzkiego genomu

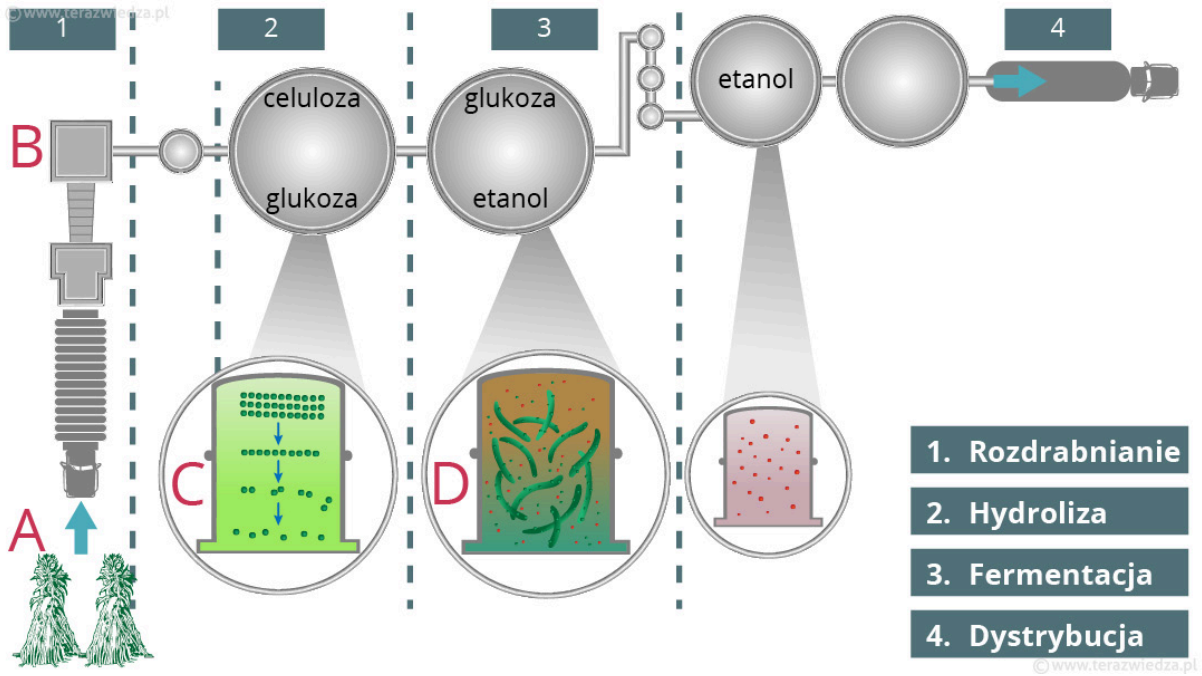
Poznanie genomu człowieka i innych organizmów daje ogromne korzyści biologii ewolucyjnej. Porównywanie sekwencji nukleotydów jest źródłem informacji o pokrewieństwie i pozwala śledzić drogi ewolucyjnego rozwoju. Podstawą takich analiz jest założenie, że mutacje są przypadkowe. Tak więc im dłuższy jest czas od rozdzielenia linii ewolucyjnych dwóch gatunków, tym większe będą różnice między ich DNA.

Ciekawe! Wstępny opis genomu człowieka opublikowano w roku 2000. Trzy lata później stwierdzono zakończenie sekwencjonowania 99% genomu z trafnością 99,99%. O tym, że zsekwencjonowanie ludzkiego genomu było przedsięwzięciem trudnym mogą świadczyć mapy ludzkiego genomu, np. ta opracowana w instytucie Craiga Ventera. Znajdziesz ją **tutaj**.

9.2. Biopaliwa

Biomasę, czyli materię zawartą w organizmach żywych, od dawna wykorzystuje się do wytwarzania energii. Wiele domów ma piece spalające różnego rodzaju pellety i brykiety przygotowywane z resztek drewna. Istnieją też instalacje spalające biogaz powstający w procesie beztlenowego rozkładu resztek organicznych. Biomasa jest też przetwarzana na paliwa płynne, np. biodiesel (z oleju rzepakowego) czy etanol (z traw, np. miskantu). Przemysł traktuje biomasę jako odnawialne źródło energii.

Wymaga to jednak rozwiązania takich problemów, jak zajmowanie coraz większej powierzchni upraw przez rośliny dostarczające biomasę oraz zbyt duże zużycie energii podczas produkcji paliw płynnych (wydajność tych procesów jest bardzo niska).



Sposoby poprawiania efektywności produkcji biopaliw na przykładzie etanolu. Na rycinie literami zaznaczono najważniejsze elementy procesu

A. Biomasa - surowiec do produkcji biopaliwa. Celem działań biotechnologów jest: poprawa jakości krzewów traw i drzew wykorzystywanych jako biomasa poprzez zwiększenie zawartości celulozy i hemiceluloz, a zmniejszenie udziału ligniny w ścianach komórkowych; przyspieszanie wzrostu roślin używanych jako źródło biomasy (zwykle: modyfikowanie genów enzymów fazy ciemnej, w której zachodzi asymilacja CO_2); zwiększanie zakresu tolerancji roślin uprawnych na czynniki środowiskowe.

B. Obróbka wstępna biomasy (rozdrabnianie). Celem działań jest łatwiejsze oddzielanie celulozy i hemiceluloz oraz zmniejszenie energochłonności tego etapu (zastosowanie wydajniejszych enzymów umożliwi obniżenie wymaganej temperatury).

C. Hydroliza celulozy. Cele działań są następujące: szybsza hydroliza celulozy do glukozy przez obniżenie wymaganej temperatury procesu; modyfikacje grzybów i bakterii (wydajniejsze enzymy komórkowe); stworzenie jednego typu celulazy rozkładającej celulozę bezpośrednio do glukozy.

D. Fermentacja etanolowa. Celem udoskonaleń jest szybsza fermentacja przez uzyskanie: wydajniejszych enzymów komórkowych, mikroorganizmów odpornych na wysokie stężenie etanolu. Uwaga: planowane jest też stworzenie jednego mikroorganizmu GMO,

który przeprowadzałby jednocześnie etapy C i D.

9.3. Zanieczyszczenie środowiska

OPAKOWANIA

Biotechnologia zmienia nie tylko wielkoskalowe procesy przemysłowe. Przykładem jest produkcja... opakowań, w której coraz częściej stosuje się **polimery biodegradowalne**, np. termoplastyczny polihydroksymaślan (PHB) wytwarzany przez zmodyfikowane bakterie *Ralstonia eutropha*. Tego rodzaju substancje zostają w całości rozłożone do CO_2, H_2O i humusu w ciągu 6 miesięcy. Jest to rozwiązanie przyjazne dla środowiska, ale kosztowne. Trwają więc prace nad takimi modyfikacjami grzybów i bakterii, aby w kontrolowany sposób rozkładały powszechnie stosowane tworzywa sztuczne, np. polipropylen oraz polietylen. Zapewne dopiero wówczas zostanie rozwiązany problem plastikowych śmieci.

Plastikowe śmieci zalegają niemal wszędzie (Nawodzice, k. Tarnobrzegu)

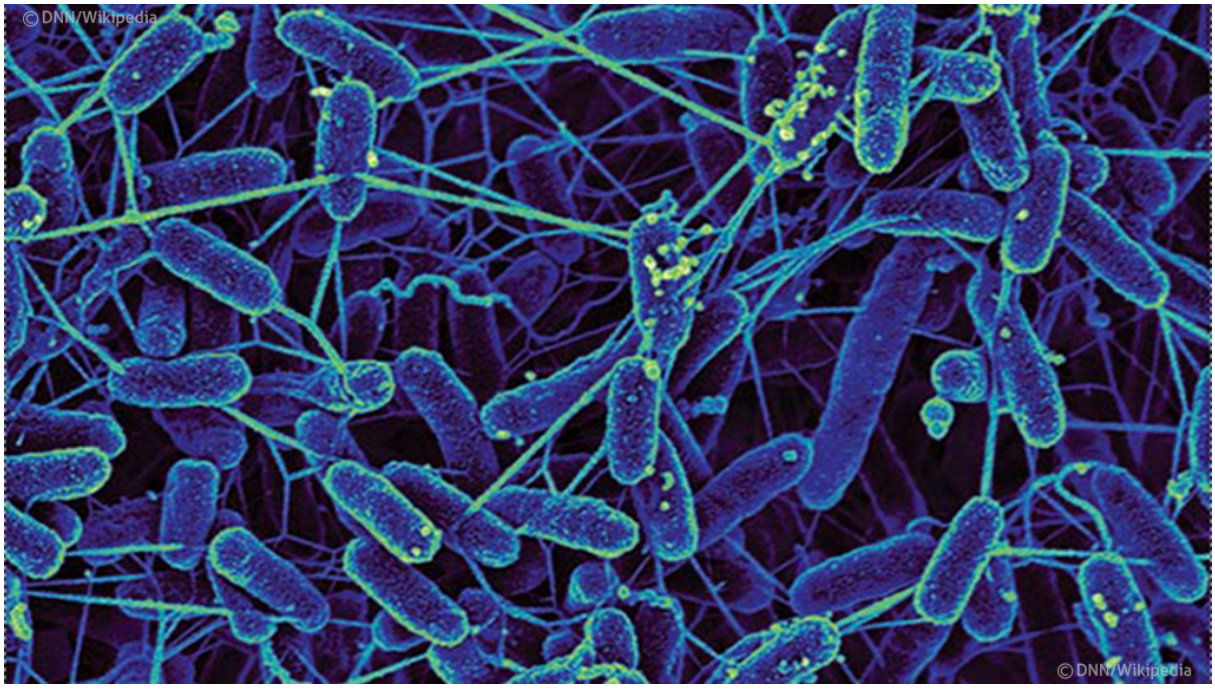
BIOREMEDIACJA

Pozostańmy w kręgu zagadnień związanych z biotechnologią i ochroną środowiska. Wykorzystajmy biochemiczne możliwości mikroorganizmów do usuwania zanieczyszczeń środowiska lądowego i wodnego, czyli do **bioremediacji**. Załóżmy np., że zmodyfikowane genetycznie bakterie będą

rozkładać składniki ropy naftowej wyciekającej z uszkodzonych platform wiertniczych lub tankowców. Z kolei w okolicach fabryk (na terenach silnie skażonych) inne gatunki będą transformowały zanieczyszczenia w formy chemiczne mniej szkodliwe. Chociaż technologie bioremediacji dopiero powstają, są już stosowane na dużą skalę np. Chinach.

Ważne! Wykorzystanie mikroorganizmów w bioremediacji jest potencjalnie niebezpieczne - jeśli wymkną się spod kontroli zagrożą np. zawartości zbiorników paliwa w naszych samochodach. A to byłby jeden z najmniejszych kłopotów! Podobnie rzecz ma się ze zmodyfikowanymi mikroorganizmami rozkładającymi tworzywa sztuczne.

Przypomnijmy teraz, że rozkład materii organicznej przez **destruentów** (bakterie i grzyby) wykorzystywany jest podczas utylizacji odpadów komunalnych i w oczyszczalniach ścieków (złoża biologiczne i osady czynne). Do oczyszczania wód wykorzystuje się także systemy korzeniowe niektórych roślin wodnych. Niedawno odkryto nowe, wyrafinowane możliwości ochrony środowiska. Przykładem jest bakteria *Shewanella*. Należy ona do tych nielicznych organizmów, które pozyskują energię, redukując... uran(VI). Biotechnolodzy szukają więc możliwości wykorzystania jej w zabezpieczaniu składowisk radioaktywnych odpadów zawierających uran.



Badany jest zarówno genom, jak i niezwykłe enzymy *Shewanella oneidensis*

BIOINDYKACJA ZANIECZYSZCZEŃ

Przypadkiem, który trudno zakwalifikować jest danio pręgowany (*Danio rerio*). Technikami inżynierii genetycznej ta sympatyczna ryba została „doposażona" w kilka genów meduz morskich kodujących fluorescencyjne białka. Świecący danio miał być tanim i prostym w użyciu bioindykatorem zanieczyszczeń wód, m.in. metalami ciężkimi. Jednak „włączanie świecących" genów pod wpływem zanieczyszczeń okazało się bardzo trudne. Tymczasem po modyfikacji genetycznej danio, już jako **GloFish**, stał się przebojem wśród... akwarystów.

Danio pręgowany jest jednym z pierwszych kręgowców, których genom został zsekwencjonowany i zmodyfikowany

9.4. Medycyna i farmacja

BEZPIECZEŃSTWO PROCESÓW LECZENIA

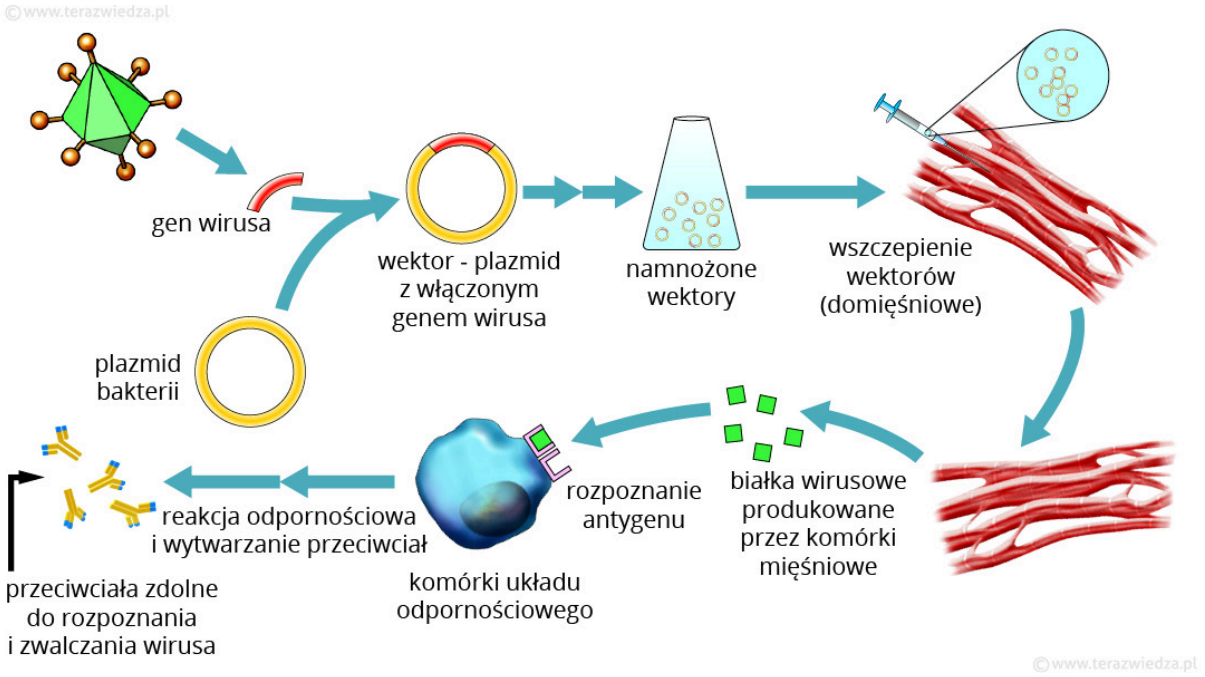
Złożoność organizmów żywych, w tym człowieka, sprawia wielkie trudności poznawcze. W badaniach medycznych dużym ułatwieniem jest znaczne podobieństwo genomu człowieka i np. myszy. Różnimy się zaledwie 300 genami, można więc przyjąć, że badania na myszach pomogą zrozumieć tło większości chorób genetycznych człowieka takich, jak np.

mukowiscydoza, cukrzyca, nowotwory czy nadciśnienie tętnicze.

W badaniach tego rodzaju podstawową rolę odgrywają laboratoryjne myszy, które celowo zmieniono genetycznie, aby wywołać określoną chorobę. W tym celu wykorzystuje się możliwość **nokautowania** (uszkadzania) i wyciszania ekspresji określonych genów, a następnie podejmuje próby lecznicze. Dzisiaj można uzyskiwać myszy z zaburzeniem funkcji dowolnego genu. Dzięki nim przeprowadzono już analizę funkcji kilku tysięcy genów. Uzyskanie takiego postępu tradycyjnymi metodami (selekcji hodowlanej mutantów) zajęłoby zapewne kilkaset lat.

Nokautowane linie myszy pozwalają testować nowe, ryzykowne terapie bez udziału ludzi

Wyniki badań na organizmach laboratoryjnych, komórkach człowieka ze specjalnych hodowli, a także próby kliniczne na pacjentach ochotnikach bardzo przyspieszają wdrażanie nowych projektów. Na następnych stronach przedstawiliśmy więc jedynie kilka wybranych przykładów wykorzystania osiągnięć czerwonej biotechnologii. Jako pierwszy posłuży nam nowość - **przeciwwirusowa szczepionka DNA** wywołująca trwałą odpowiedź immunologiczną bez jakiegokolwiek kontaktu z wirusem.



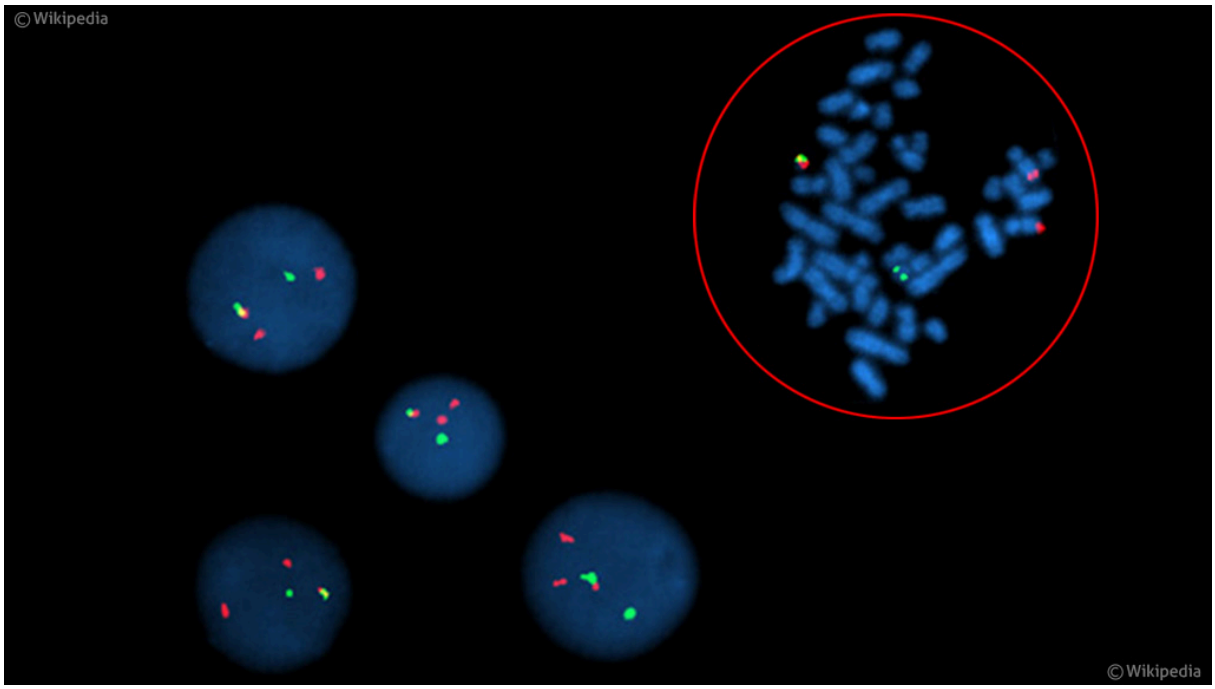
Na schemacie pokazano działanie szczepionki DNA zawierającej wirusowy gen kodujący białko kapsydu. Po szczepieniu organizm człowieka sam produkuje to białko, sam rozpoznaje je jako obce i wytwarza odpowiednie przeciwciała

DIAGNOSTYKA MEDYCZNA

Jednym z priorytetów współczesnej medycyny jest przewidywanie, zapobieganie, a także wczesne wykrywanie chorób. W realizacji tych zadań coraz większą rolę pełnią, wspomniane już, molekularne testy diagnostyczne przygotowywane technikami inżynierii genetycznej. Do wykrywania w badanym materiale genetycznym określonych sekwencji DNA (także genów) służą m.in. **sondy DNA**. Zwykle sondy tworzy się z użyciem atomów obdarzonych zdolnością fluorescencji (emitowania światła pod wpływem promieniowania UV). Po hybrydyzacji sondy z badanym materiałem DNA bada się używając mikroskopów fluorescencyjnych. Jest to technika fluorescencyjnej hybrydyzacji in situ (ang. fluorescent in situ hybridization, FISH). Innym sposobem jest tworzenie sond modyfikowanych chemicznie, które po hybrydyzacji wykrywane są przez specjalne **przeciwciała znakowane fluorescencyjnie**. W Polsce takimi technikami prowadzi się testy w kierunku ponad 300 różnych schorzeń, np. mukowiscydozy (mutacje genu CFTR), hemochromatozy* (mutacje genu HFE) czy celiakii** (najczęściej mutacje genów HLA-DQ). Można też wykryć anomalie chromosomu Philadelphia.

*Hemochromatoza jest dziedziczną chorobą metaboliczną, objawiającą się nadmiernym wchłanianiem żelaza z pożywienia. Skutkiem może być np. cukrzyca oraz zmiany degeneracyjne w sercu i stawach.

**Celiakia to choroba genetyczna, która charakteryzuje się nietolerancją glutenu - zapasowego białka znajdującego się w zbożach.



Pozytywny wynik testu na obecność genu fuzyjnego abl/bcr (technika FISH)

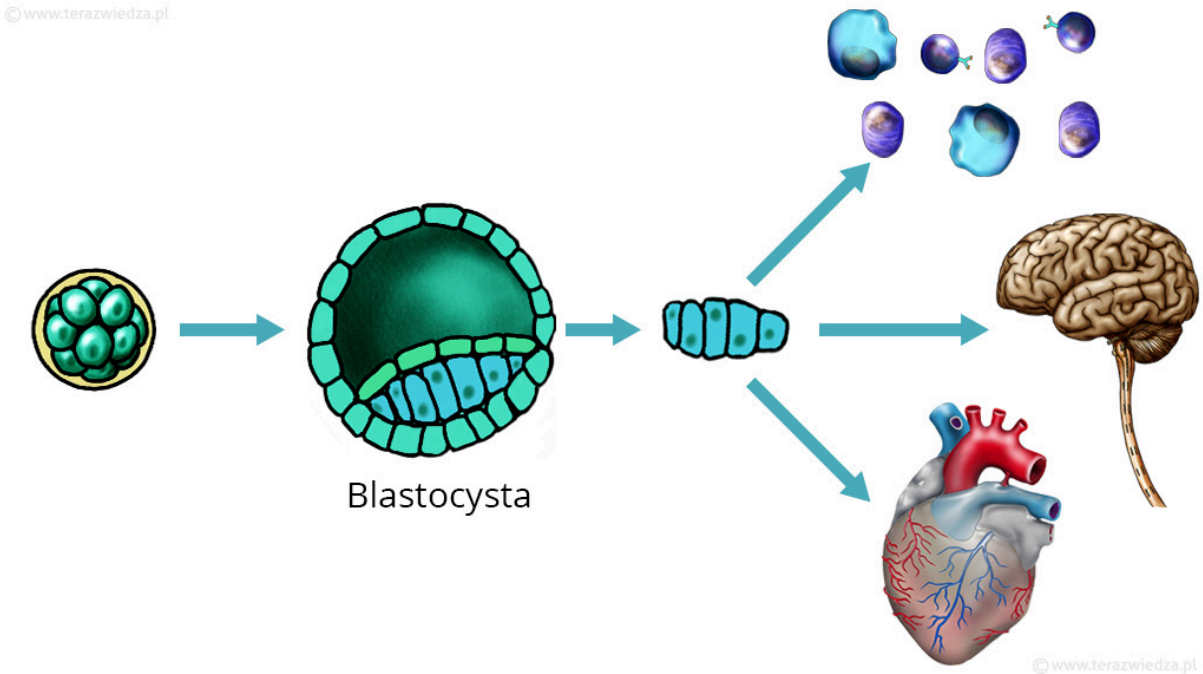
Ciekawe! Dzisiaj zbadanie swojego DNA można zlecić w Internecie. Wysyłając próbkę śliny, a wcześniej dokonując przelewu na kilkaset dolarów, po kilku tygodniach otrzymamy wynik badań potencjalnych mutacji w ponad 200 genach. Dwie największe firmy tego typu należą do ... Google. Obawy lekarzy wynikają z tego, że nie wiadomo, co laik zrobi z taką wiedzą. Przypominamy więc, że badania genetyczne najlepiej przeprowadzać pod kierunkiem specjalisty z polskiej poradni genetycznej.

KLONOWANIE

Uzasadnione wątpliwości budzi **klonowanie reprodukcyjne ludzi** (zakazuje tego prawo większości państw, w tym Polski). Są to przede wszystkim wątpliwości natury etycznej i moralnej. Powstają tu bowiem liczne pytania, np. kim jest klon człowieka i kto dał nam prawo do tworzenia kopii, które byłyby przecież ludźmi. Zakaz klonowania ma więc

np. chronić przed pokusą tworzenia kopii przeznaczonych do łatwiejszych transplantacji. Mimo to próby klonowania ludzi są wciąż podejmowane.

Wielu pacjentów pokłada nadzieje w **klonowaniu terapeutycznym**. W tym przypadku chodzi o klonowanie ludzkich **komórek macierzystych** (tzw. komórek pnia). Są one potencjalnie nieśmiertelne (dzielą się w sposób nieograniczony) i mogą różnicować się w komórki innych typów. Komórki macierzyste można pobrać z zarodków (np. w stadium blastocysty). Wówczas mogą dać początek niemal każdemu typowi komórek dorosłego organizmu (są więc pluripotentne). Jednakże ta metoda budzi zastrzeżenia moralne oraz etyczne (prowadzi do śmierci zarodka). Komórki macierzyste pobierane są więc z krwi pępowinowej i z tkanek osób dorosłych (nawet z miazgi zębów). Takie komórki mogą dać początek tylko kilku różnym typom komórek o podobnych właściwościach (są multipotentne). Chociaż komórki macierzyste pobrane od osób dorosłych mają ograniczoną zdolność różnicowania, wykazują cechy pożądane. Przede wszystkim stosowanie tej metody nie wiąże się z niszczeniem zarodków. Ponadto pobranie komórek z własnego organizmu oznacza, że nie ma ryzyka późniejszego odrzucenia przeszczepu*. Terapia może polegać na przeszczepieniu komórek macierzystych lub narządu wyprodukowanego z tego typu komórek (zajmuje się tym **inżynieria tkankowa**).

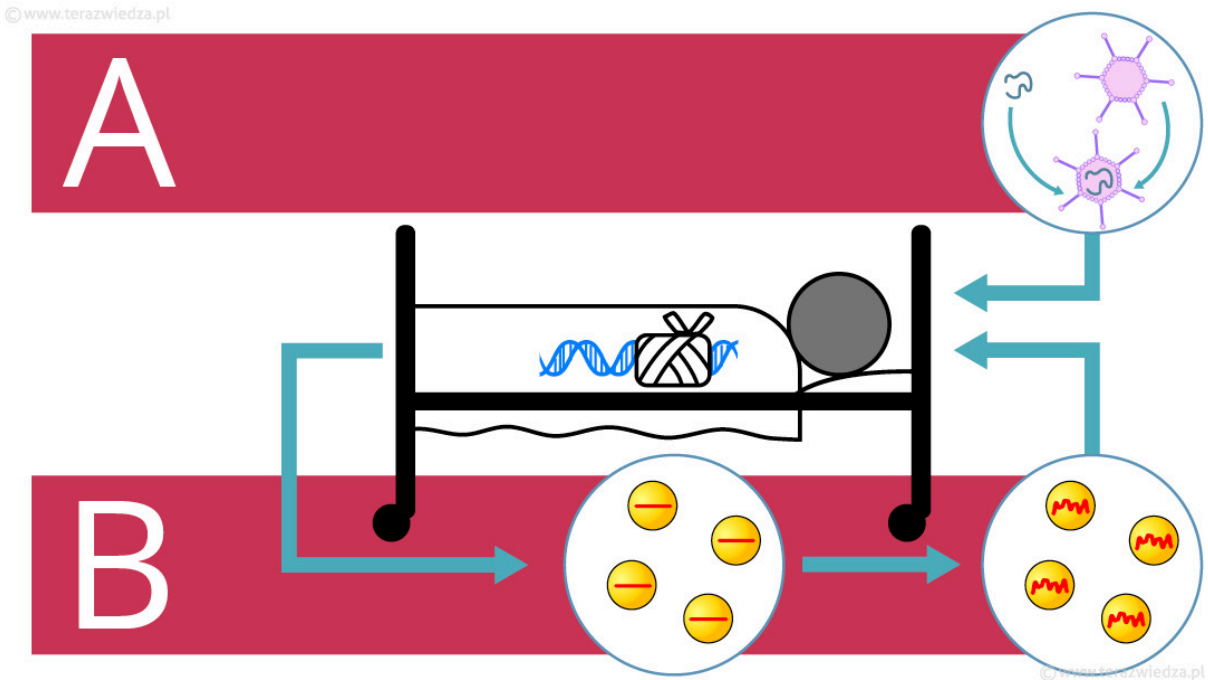


Schemat klonowania terapeutycznego z wykorzystaniem komórek zarodkowych

*Ryzyko takie istnieje zarówno przy przeszczepach **allogenicznych** (tu: od innego człowieka) jak i **ksenogenicznych** (tu: np. od świni). Przyczyną jest oczywiście brak zgodności tkankowej. Z punktu widzenia immunologicznego przeniesione komórki macierzyste są przeszczepem autogenicznym.

MEDYCYNA REGENERACYJNA

Chociaż do pełnego wykorzystania potencjału komórek macierzystych jest jeszcze daleko, badania kliniczne kilku tkanek i narządów (m.in. skóry, naczyń krwionośnych i chrząstek) uzyskanych w taki sposób są już bardzo zaawansowane. Kiedy mówimy o technikach i metodach umożliwiających zastępowanie chorych (lub starych) komórek (lub narządów) przez zdrowe, przechodzimy do **medycyny regeneracyjnej**. Dalej idą zamierzenia regeneracji organizmu człowieka za pomocą **terapii genowej**. Ma ona polegać na zamianie lub „wyłączeniu" wadliwego genu, dodaniu „zdrowego" genu w inne miejsce genomu niż gen wadliwy lub dodaniu do genomu nowego genu. Modyfikację genetyczną można przeprowadzić poza lub w ciele pacjenta. Terapie genowe mają m.in. zapewnić produkcję białek potrzebnych, a których w organizmie brakuje (np. czynników krzepnięcia krwi) lub takich, które są, ale nie działają prawidłowo. W terapiach przeciwnowotworowych testowane jest dołączanie specjalnych genów kodujących białka wywołujące obumieranie komórek nowotworowych. Badana jest też możliwość wyciszania ekspresji genów kodujących szkodliwe białka (specjalny dwuniciowy RNA dodany do komórek powoduje niszczenie określonego mRNA). Dzięki medycynie regeneracyjnej możliwe będzie nie tylko zwalczanie objawów chorób genetycznych, ale przede wszystkim ich przyczyn.

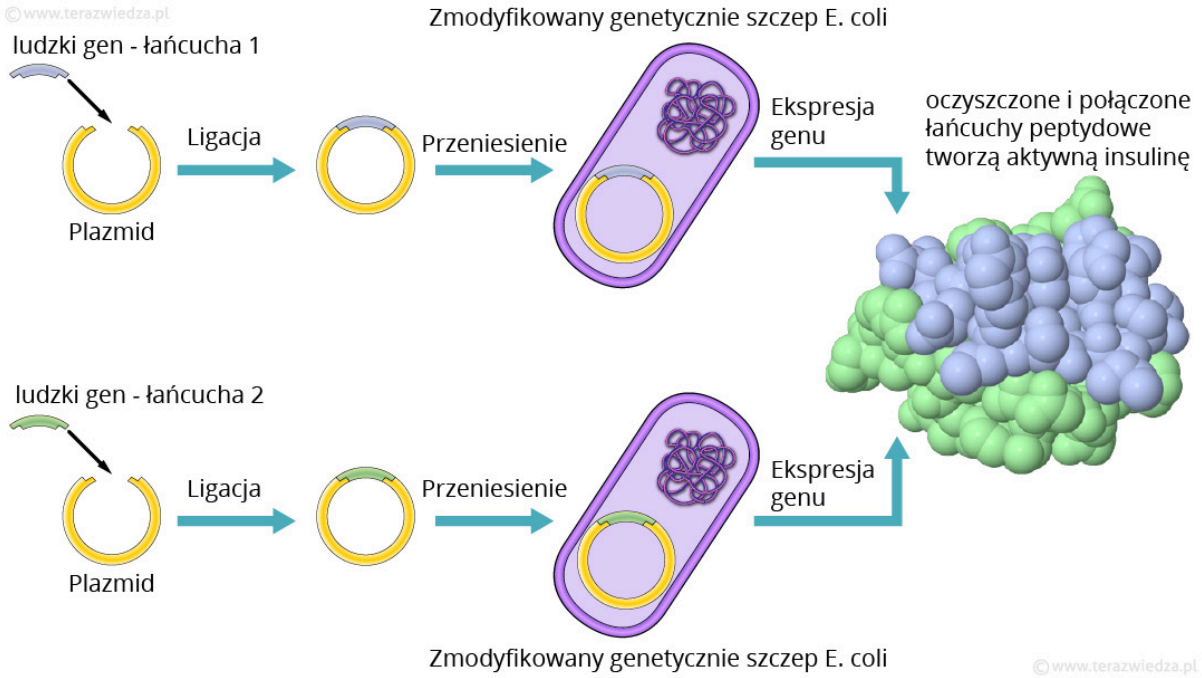


Terapia genowa polega na ingerencji w pewien rejon DNA pacjenta poprzez „wszczepienie" zdrowych lub „naprawionych" genów (A - łączenie zdrowego genu z wektorem wirusowym, B - „naprawianie" własnego genu pacjenta)

Ważne! Na całym świecie wykonano już tysiące operacji, które można nazwać terapiami genowymi. Wciąż jest to jednak dziedzina eksperymentalna, obarczona olbrzymim ryzykiem niepowodzenia. Na terapie genowe decydują się przede wszystkim chorzy na nowotwory i osoby z ciężkimi chorobami genetycznymi.

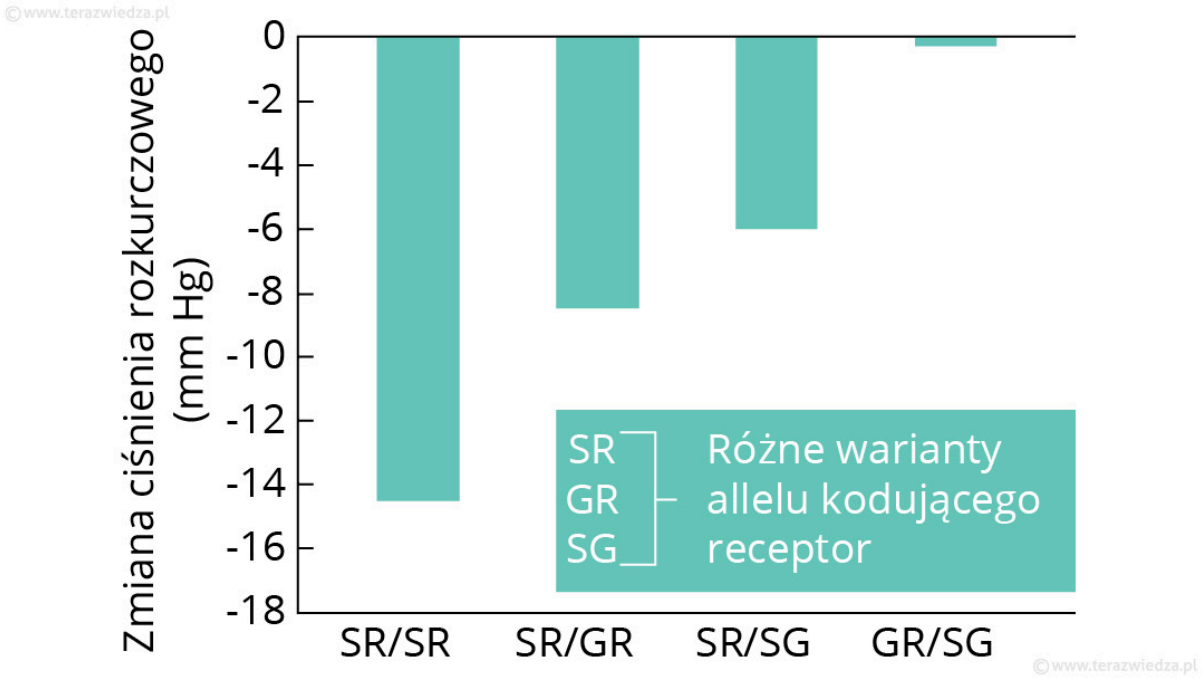
PRODUKCJA LEKÓW

Biotechnologia umożliwia tanią i wydajną produkcję białek leczniczych (ogólnie - **biofarmaceutyków**). Do wytwarzania nowoczesnych antybiotyków, białkowych czynników krzepnięcia krwi, hormonu wzrostu, insuliny, przeciwciał czy enzymów komórkowych najczęściej wykorzystuje się transgeniczne szczepy bakterii (*Streptomyces*, *Bacillus*, *E. coli*) oraz grzybów (*Aspergillus*, *Penicillium*).



Na schemacie pokazano produkcję ludzkiej insuliny (białko to składa się z dwóch łańcuchów aminokwasów). Po transformacji wektorami plazmidowymi każdy szczep *E. coli* produkuje jeden rodzaj łańcucha

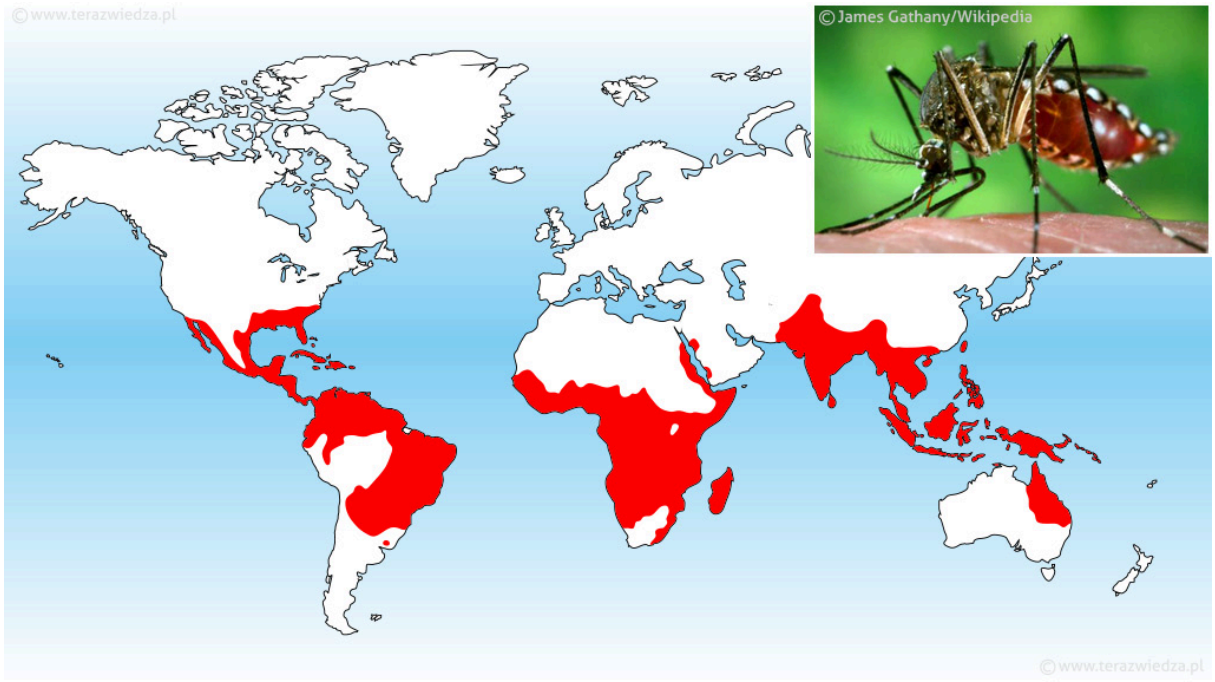
Nowym trendem jest **farmakogenomika** zajmująca się m.in. wpływem leków na konkretne osoby. Znajomość genomu osoby nie reagującej na lek pozwoli tak go zmodyfikować, aby uzyskać efekt terapeutyczny. Obecnie, przy pomocy komputerów, projektuje się od podstaw zupełnie nowe substancje lecznicze dające efekty u ludzi o różnych genotypach.



Zależność reakcji organizmu na lek obniżający nadciśnienie od genotypu pacjentów

ELIMINOWANIE WEKTORÓW CHORÓB

Przykładem pośredniego wykorzystania biotechnologii w medycynie jest próba ograniczenia populacji komara *Aedes aegypti*, który przenosi wirusa gorączki krwotocznej zwanej chorobą denga. W Brazylii zmodyfikowane genetycznie, bezpłodne samce będą wypuszczane na wolność, gdzie rozpoczną konkurencję o samice ze zdrowymi osobnikami. Potomstwo takich samców ma ginąć jeszcze w stadium larwalnym. Testy na terenach, gdzie wypuszczono transgeniczne osobniki wykazały zmniejszenie liczebności populacji tego komara o 90%. Transgeniczna metoda ma zastąpić rozpylanie chemicznych środków owadobójczych.



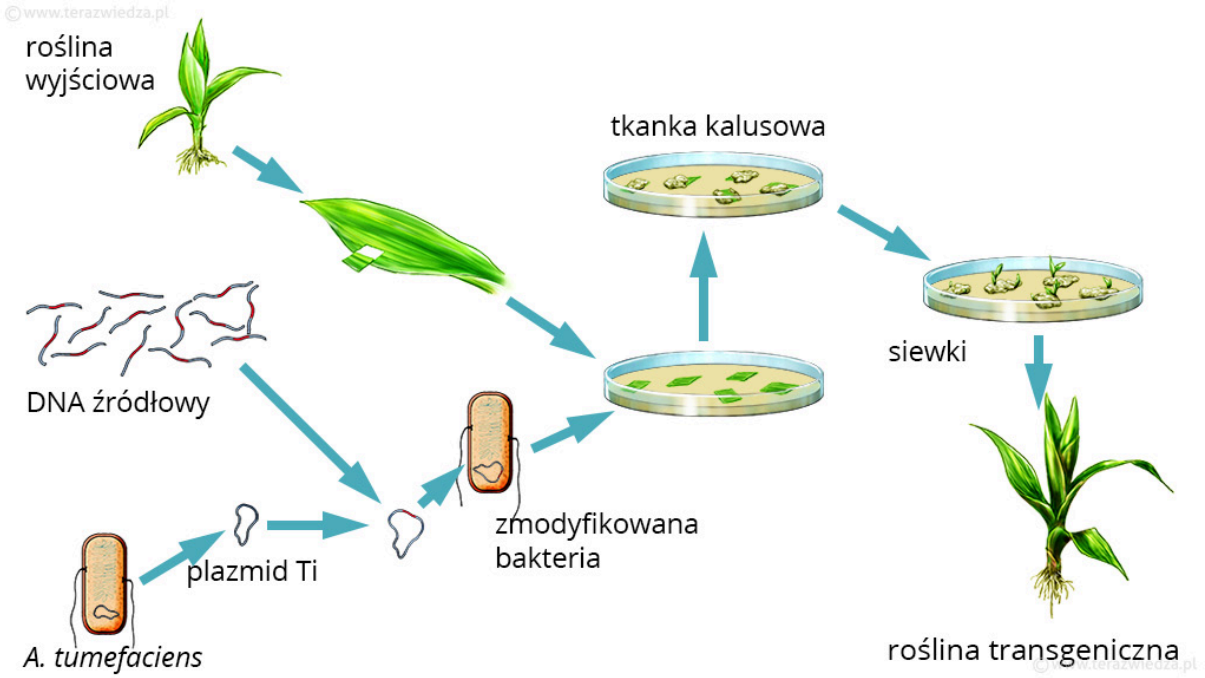
Samica komara *Aedes aegypti* i zasięg występowania tego gatunku

9.5. Rolnictwo

Osiągnięcia zielonej biotechnologii (głównie organizmy modyfikowane genetycznie oraz techniki klonowania takich organizmów) już od kilkudziesięciu lat wykorzystywane są zarówno w uprawie roślin, jak i hodowli zwierząt.

ROŚLINY GMO

Do transformowania roślin najczęściej wykorzystuje się naturalne zdolności glebowej bakterii *Agrobacterium tumefaciens*. Potrafi ona zakażać uszkodzone korzenie i wprowadzać do ich komórek geny zmieniające metabolizm (m.in. powstają rakowe, guzowate narośla). Do tego celu bakteria wykorzystuje plazmid *Ti*. Podczas ataku bakteria wycina geny z plazmidu *Ti*, opakowuje białkami i przenosi do komórki. Odpowiednie sekwencje położone przed genami powodują, że DNA bakterii łatwo włączany jest w genom rośliny. Okazało się, że odpowiednio zmodyfikowane szczepy *A. tumefaciens* można wykorzystać do transformowania setek różnych roślin dowolnymi cząsteczkami DNA.



Otrzymywanie rośliny transgenicznej z użyciem wektora plazmidowego

Dla zainteresowanych! Niektóre jednoliścienne rośliny uprawne, np. pszenica, nie są atakowane przez *A. tumefaciens*. W takich przypadkach transformację wywołuje się bombardując komórki rośliny-biorcy wolframowymi lub złotymi mikrokuleczkami pokrytymi DNA (urządzenie do „ostrzeliwania" nazwano **armatką genową**). Metoda jest niezbyt wydajna, ale powoduje, że transformowane komórki nie muszą być pozbawiane ściany komórkowej.

Rośliny GMO są bardziej plenne, odporne na pasożyty i mają większą tolerancję na niekorzystne warunki środowiska. W ostatnich latach powstają nawet odmiany GMO, które wytwarzają duże ilości białka, witaminy, a ostatnio także szczepionki (np. ziemniaki zawierające antygeny bakterii *Vibrio choleare*).

Transgeniczny Złoty Ryż (Golden Rice) zawiera geny kodujące β-karoten (prekursor niezbędny w syntezie witaminy A)

Przykładami roślin transgenicznych są odmiany kukurydzy, orzecha ziemnego, bawełny, tytoniu i ziemniaków z transgenem Bt przeniesionym z bakterii *Bacillus thuringiensis*. Gen Bt koduje białko - endotoksynę - zabijającą larwy owadów żerujących na tych roślinach. Niestety, niedawno w Meksyku i w Chinach pojawiły się mutacje, które uodporniły część szkodników, np. stonkę kukurydzianą.

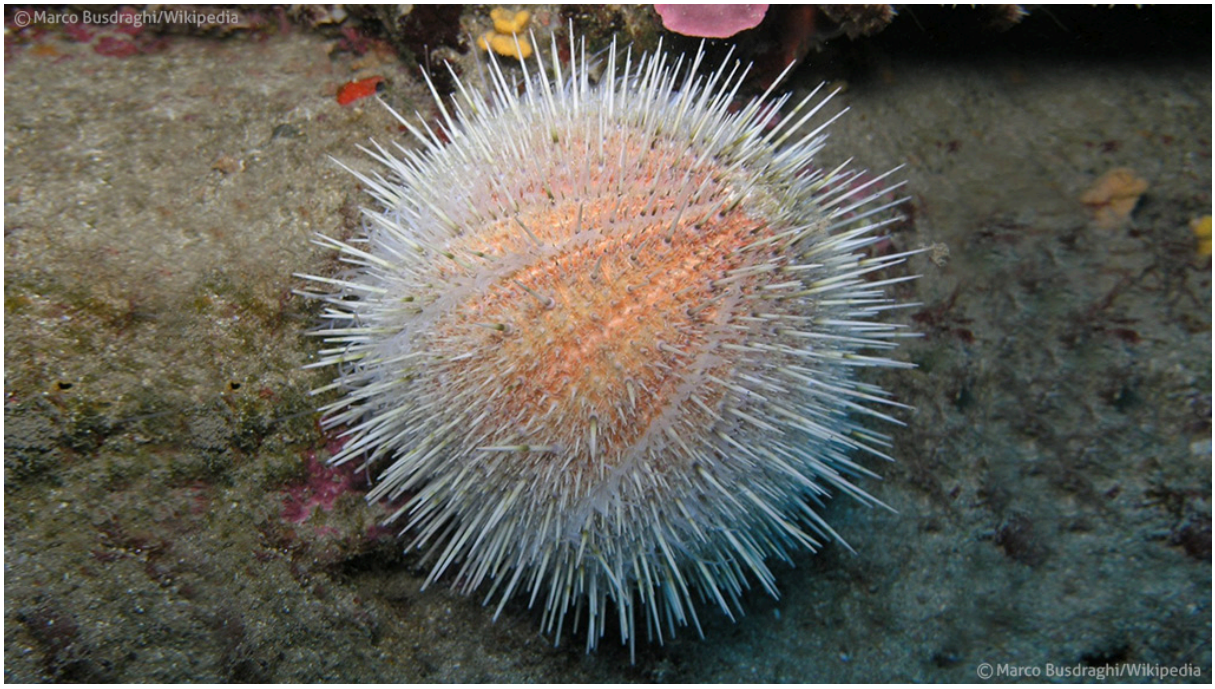
Liście orzecha ziemnego uszkodzone przez larwy omacnicy prosowianki (lewa strona zdjęcia) i transgeniczna odmiana orzecha z genem Bt (prawa strona zdjęcia)

Uwaga: osobnym problemem jest potencjalnie szkodliwy wpływ transgenicznych roślin z wbudowanymi genami toksyn na inne organizmy. Dotychczas prowadzone badania dają sprzeczne wyniki. Wykorzystują je zarówno zwolennicy upraw roślin transgenicznych, jak i przeciwnicy (por. rozdz. 9.6). W 2011 roku całkowity areał roślin GMO przekroczył 160 mln ha, co stanowi już prawie 8% powierzchni wszystkich ziem nadających się pod uprawę. Najwięcej upraw jest w Ameryce Północnej. W UE uprawy GMO zajmowały zaledwie 89 tys. ha (w 5. krajach). Do stosowania dopuszczono tylko dwie rośliny GMO: kukurydzę MON810 i ziemniak Amflora.

ZWIERZĘTA GMO

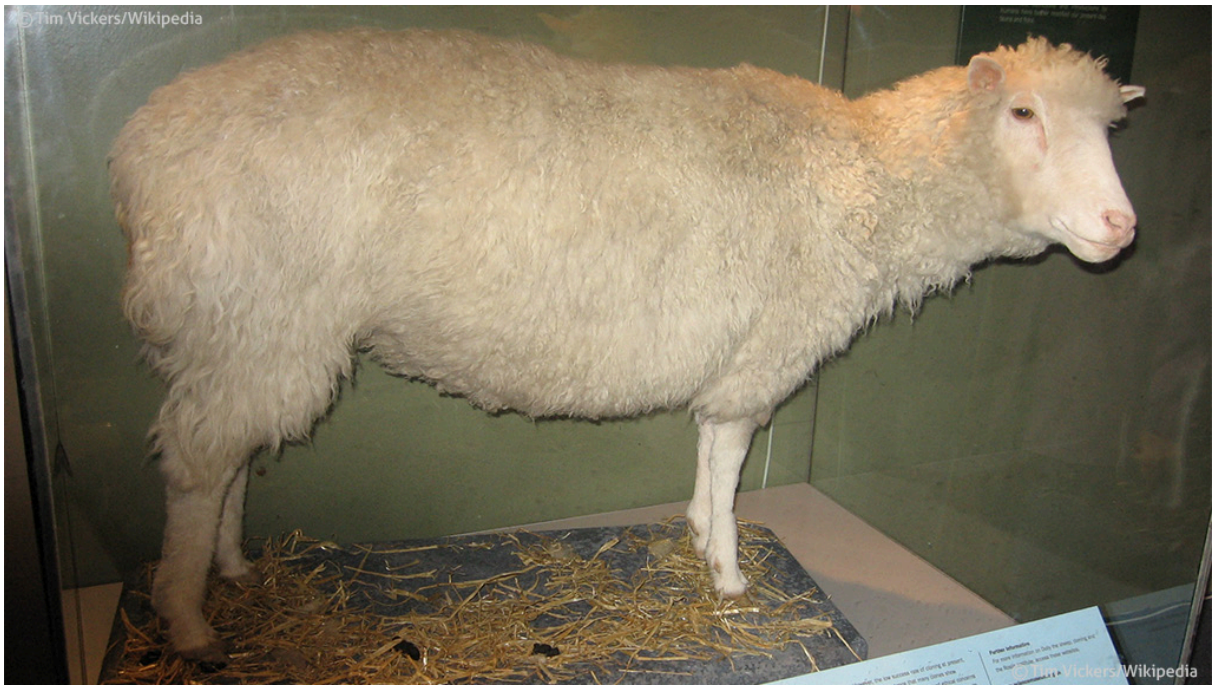
Od lat wielu hodowców interesowało się klonowaniem zwierząt hodowlanych. Prace zmierzające w tym kierunku podjęto więc już w połowie XX w. Uważano, że sklonowanie osobników o najkorzystniejszych cechach pozwoli szybko, na całym świecie, stworzyć hodowle pełne wydajnych i wytrzymałych zwierząt użytkowych. Sukcesy przyszły jednak dużo później. Nie wiedziano bowiem, jak zmusić komórki somatyczne dorosłych zwierząt do rozwoju. Nie pomagało nawet przenoszenie jąder

komórkowych do cytoplazmy komórek rozrodczych.



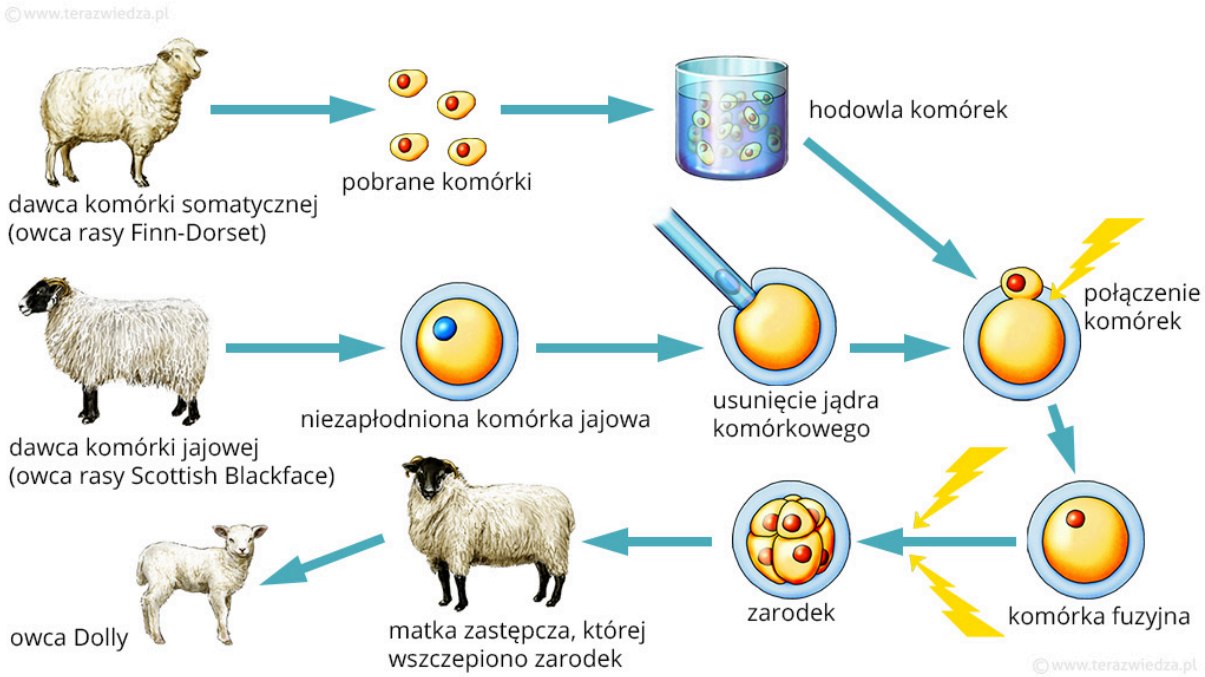
Pierwszym sklonowanym zwierzęciem był jeżowiec (morski bezkręgowiec)

Pierwszy klon ssaka - słynna **owca Dolly** - pojawił się dopiero w 1997 r. w szkockim Instytucie Roślin w Edynburgu.



Wypchana Dolly jest dzisiaj eksponatem w Royal Museum of Scotland

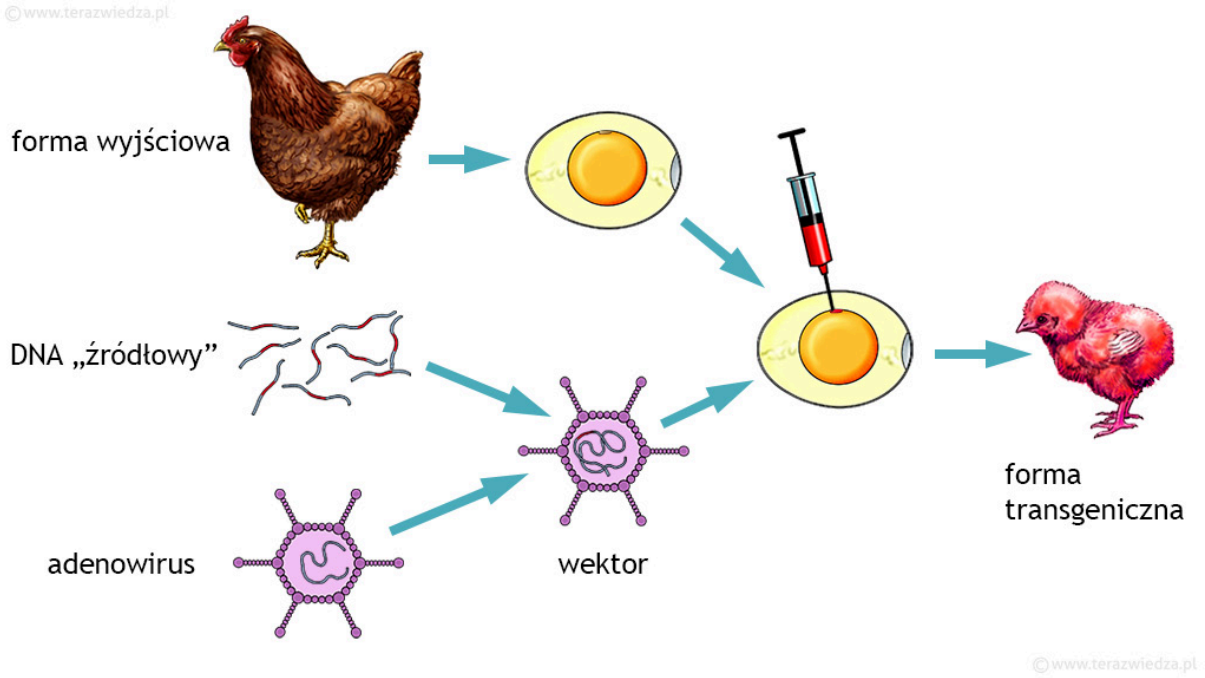
W tym przypadku także wykorzystano jądro komórki somatycznej, którą pobrano z wymienia biologicznej matki. Jądro przeniesiono następnie do komórki jajowej owcy innej rasy, przy czym z tej komórki wcześniej jądro usunięto. Po kilkuset próbach udało się uzyskać funkcjonalną zygotę (komórkę fuzyjną), którą implantowano do macicy matki zastępczej. Ciąża i poród przebiegły bez zakłóceń. Sukces badaczy z Edynburga był niewątpliwy. Po raz pierwszy udało się przeniesienie i pobudzenie do rozwoju jądra komórki somatycznej pobranej od dorosłego osobnika. Poniżej przedstawiliśmy schemat wyjaśniający, w jaki sposób można było stworzyć Dolly.



Analizując schemat tworzenia Dolly, zwróć uwagę na specjalną hodowlę pobranych komórek (twórcy klona potrafili upodobnić ich rozwój do rozwoju komórki jajowej) oraz metodę wymuszania fuzji komórki somatycznej z komórką jajową (przez niewielkie impulsy elektryczne)

Klonowanie reprodukcyjne, szczególnie ssaków, wciąż jest bardzo kosztowne, mało wydajne, a uzyskane klony często chorują. Mimo to chętnych nie brakuje. Klonowane są już nie tylko konie wyścigowe, buhaje zarodowe, ale nawet psy domowe i koty. Zapewne więc klonowanie dorosłych osobników będzie stosowane, ale przyszłość należy do zwierząt transgenicznych. Techniki transferu genów są już tak rozwinięte, że lista

transgenicznych ssaków, ptaków i ryb rośnie w postępie geometrycznym. Przejdźmy zatem do przedstawienia kilku wybranych przykładów. Modyfikowane genetycznie łososie, karpie, a nawet świnie mają dodatkowe geny kodujące hormon wzrostu. Dzięki temu są większe i szybciej rosną. Transgeniczne owce wytwarzają wełnę, która nie kurczy się w praniu. W Polsce kilka lat temu wyhodowano transgenicznego knurka z ludzkim genem kodującym białko znoszące bariery immunologiczne. Sukces tego projektu spowoduje, że transgeniczne świnie będą dawcami tkanek i narządów do transplantacji u ludzi. Dzisiaj transgeniczne krowy, kozy i owce wydzielają z mlekiem pożądane białka człowieka, np. enzym antytrombinę (składnik leków przeciwzakrzepowych), erytropoetynę (ważną w leczeniu anemii), kolagen, hormon wzrostu, antytrypsynę (stosowaną w leczeniu rozedmy płuc) czy laktoferynę (podawaną m.in. sztucznie karmionym niemowlętom i osobom zagrożonym niedoborami żelaza).

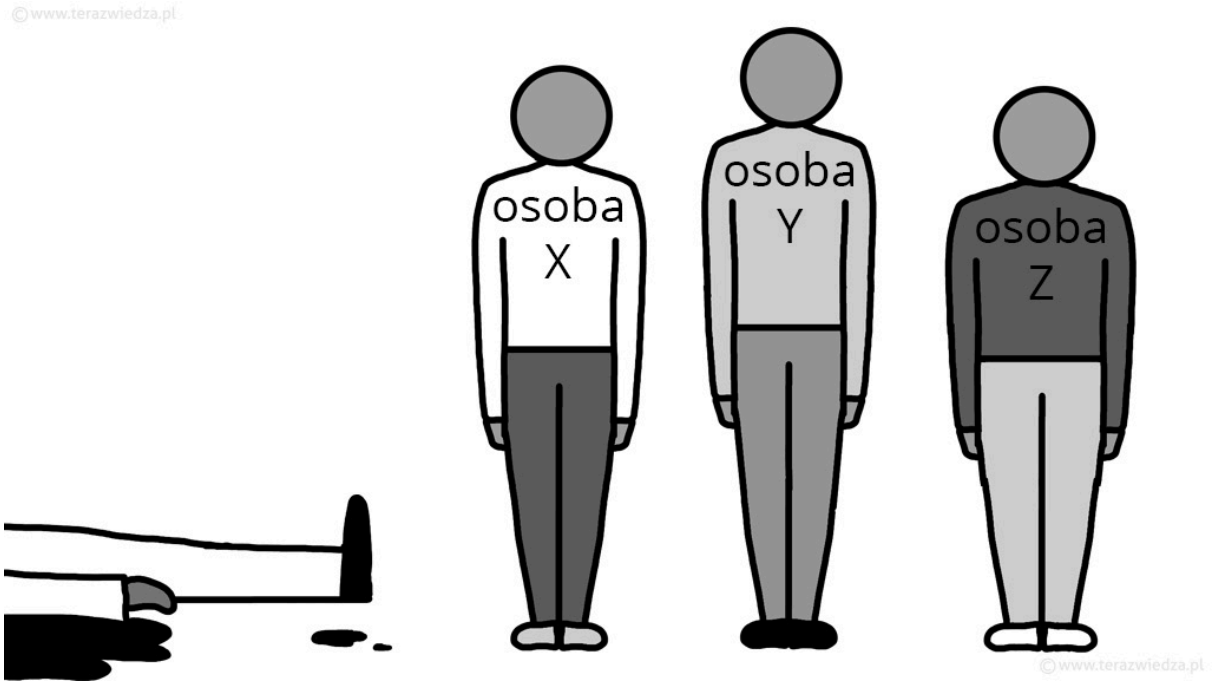


Otrzymywanie zwierzęcia transgenicznego z użyciem wektora wirusowego

9.6. Wymiar sprawiedliwości

Techniki inżynierii genetycznej wykorzystywane są także w praktyce sądowej do ustalania pokrewieństwa oraz wskazywania sprawców

przestępstw. Podstawą takich działań jest możliwość **określania oraz porównywania sekwencji DNA każdego człowieka**. Genom różnych ludzi jest bardzo podobny, ale istnieją też pewne niewielkie różnice pozwalające określić indywidualny, niepowtarzalny profil genetyczny każdej osoby. Do jego sporządzenia wykorzystuje się pewne rejony chromosomów, gdzie jest dużo powtarzających się sekwencji, np. GTGTGTGTGT. Ludzie różnią się liczbą powtórzeń w takich odcinkach. Jedna osoba ma np. 4 (GTGTGTGT), inna zaś 6 (GTGTGTGTGTGT), jeszcze inna może mieć ich 40 (GT..). Na drugim chromosomie (odziedziczonym po drugim rodzicu) sytuacja u każdej z tych osób jest zupełnie inna, np. mają one odpowiednio 6, 12 i 8 powtórzeń. W genomie takich **hiperzmiennych odcinków** (ang. variable number of tandem repeat; VNTR) jest wiele. Jeśli zbadamy 10 różnych VNTR, ryzyko, że dwie niespokrewnione osoby będą miały taki sam ich układ wynosi mniej niż 1 do 5 miliardów. Trzeba więc tylko zebrać próbkę zawierającą minimalną ilość DNA, wyizolować z niej materiał genetyczny, namnożyć techniką PCR i rozdzielić za pomocą elektroforezy. Powstający wówczas unikalny układ prążków to swoisty genetyczny odcisk palca.



Kto jest winien? Sprawdź na naszej stronie internetowej

W ogólnym zarysie metoda działania z wykorzystaniem **profili genetycznych** przypomina tę stosowaną w daktyloskopii (znajdowanie,

identyfikacja linii papilarnych i porównywanie odcisków). Stąd obrazowo profil genetyczny nazywany jest genetycznym odciskiem palca.

1. Zebranie i izolacja materiału genetycznego.
2. Sporządzenie (określenie) profilu genetycznego.
3. Porównanie otrzymanego profilu genetycznego z innymi.
4. Potwierdzenie albo wykluczenie.

Dzisiaj profile genetyczne sporządzane są automatycznie. Używa się do tego sekwenatorów, które analizują fragmenty DNA znakowane już podczas reakcji PCR. Wyniki analizowane są przez specjalne oprogramowanie i przedstawiane w postaci charakterystycznych diagramów.

9.7. Biotechnologia i prawo

Dopiero latem 2012 r. Unijna **Europejska Agencja Leków** (EMA) zaakceptowała pierwszą terapię genową (wektorem jest wirus z odpowiednim genem). Jest ona skierowana do osób cierpiących na tzw. dziedziczny niedobór lipazy (organizm chorych nie rozkłada tłuszczu). Do tej pory jedyną metodą profilaktyki była dieta uboga w tłuszcze. Przykład ten nie pokazuje opieszałości urzędników, ale świadczy o daleko posuniętej ostrożności. Zasadę tę stosuje się nie tylko w medycynie, ale w odniesieniu do wszystkich rekombinacyjnych technik DNA. W państwach Unii Europejskiej wprowadzenie terapii genowej czy organizmu transgenicznego do hodowli jest procedurą wieloletnią. Sama rejestracja wymaga przedstawienia obszernej dokumentacji warunków, w jakich daną technikę zastosowano. Wówczas rozpoczynają się trwające nawet kilkanaście lat testy. W przypadku terapii genowych czy nowych leków testy, a właściwie **kliniczne badania** eksperymentalne, obejmują szereg faz. Dopiero po ich pomyślnym zakończeniu dopuszcza się powszechne stosowanie danej terapii.

Fazy klinicznych badań eksperymentalnych nowych terapii w Europie i Polsce:

Faza I - na małej grupie ochotników (badanie m.in. toksyczności terapii).

Faza II - na większej grupie ochotników (badanie klinicznej skuteczności terapii).

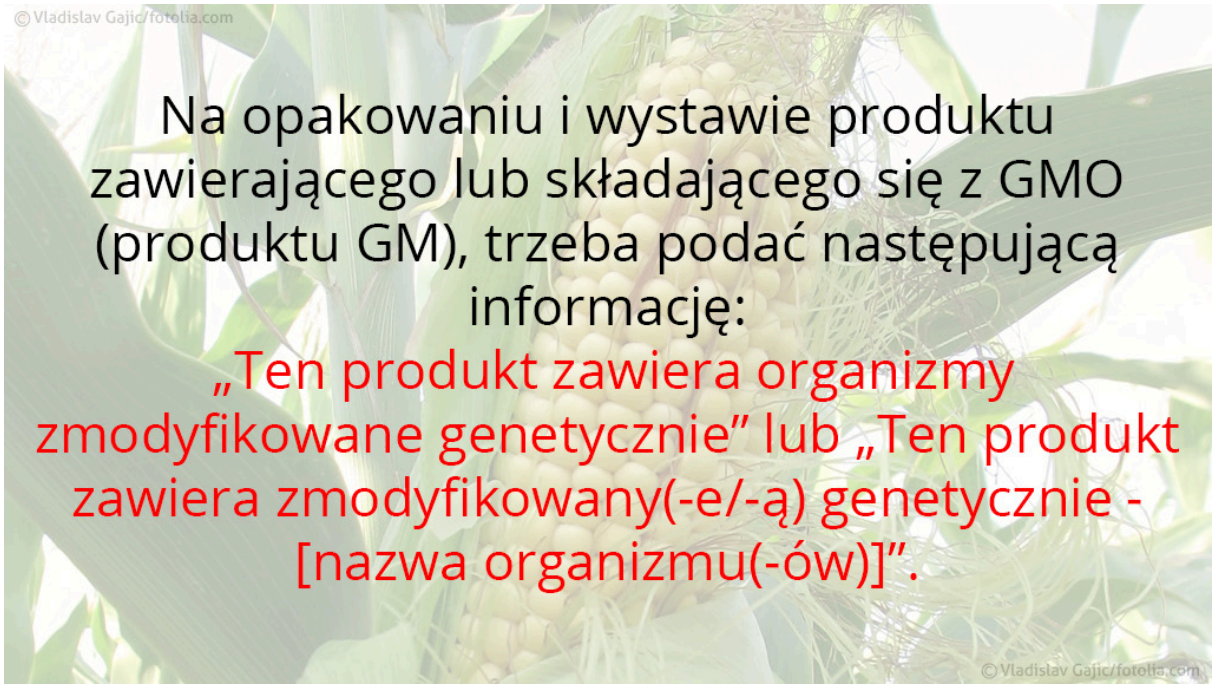
Faza III - na różnych, dużych grupach pacjentów (pełna ocena

skuteczności terapii).

Faza IV - przedłużone badania kliniczne (badanie m.in. interakcji z innymi lekami).

Uwaga: fazę I mogą poprzedzać **badania przedkliniczne** (na zwierzętach, rzadziej *in vitro*).

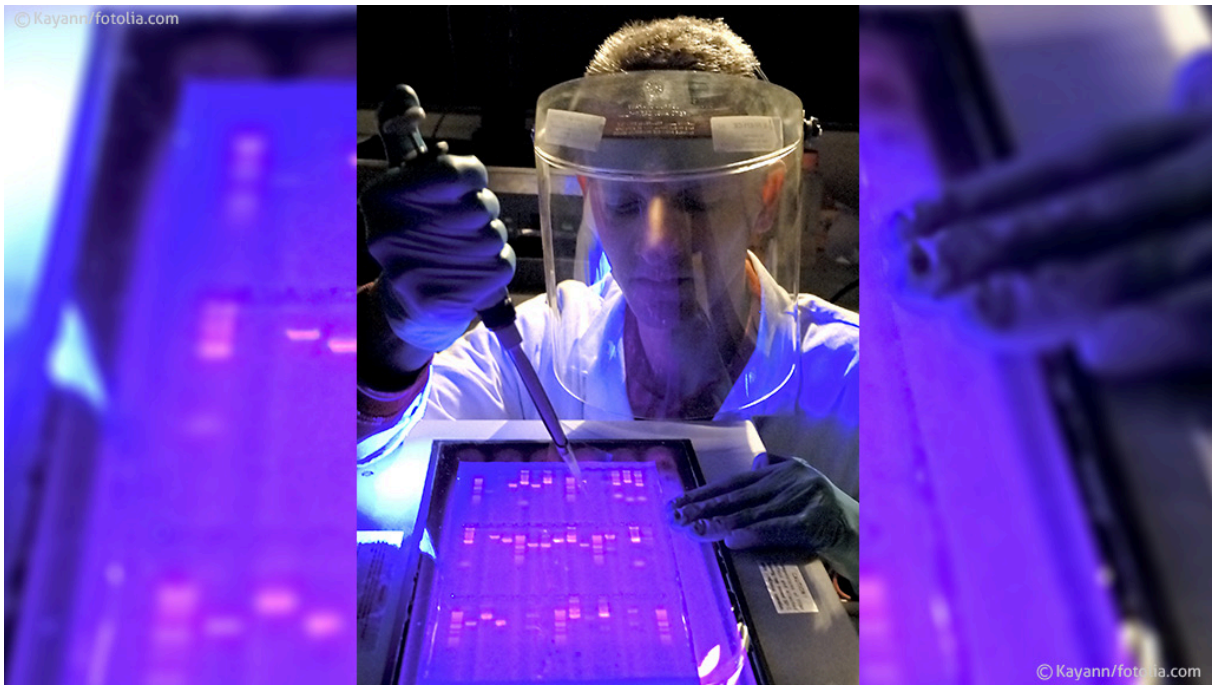
W przypadku GMO ich hodowla lub uprawa oraz produkty muszą być specjalnie oznakowane. W Europie bezpieczeństwem żywności, także tej zawierającej GMO, zajmuje się **Europejski Urząd do spraw Bezpieczeństwa Żywności** (ang. European Food Safety Authority).



W Polsce żywność zawierająca GMO musi być specjalnie oznakowana

Niestety firmy biotechnologiczne (także w Polsce) coraz częściej uzyskują prawo patentowej ochrony sekwencji nukleotydów ludzkich, zmutowanych genów odpowiedzialnych za różne choroby. Sądy uznają bowiem, że opisanie, wyizolowanie i przygotowanie technologii „użycia" takiego genu jest wynalazkiem. Takie podejście budzi olbrzymie kontrowersje. Zwolennicy mówią, że zyski z praw patentowych przeznaczone zostaną na szybsze opracowywanie nowych terapii przeciwnowotworowych. Przeciwnicy uważają, że każdy człowiek jest właścicielem swoich genów, a ponadto nie można chronić patentami odkrycia tego, co stworzyła natura.

Przytaczany jest tu przypadek jednego ze światowych potentatów biotechnologicznych, który ma monopol (czytaj: patenty) na sekwencje ludzkich genów BRCA1 i BRCA2. Ich nosicielki z prawdopodobieństwem bliskim 80% zachorują na raka jajnika lub raka sutka piersi. Tymczasem właściciel patentów blokował opracowywanie nowych, konkurencyjnych testów! W przyszłości prawo patentowe, powinno wspierać innowacje, a nie ułatwiać zawłaszczania podstawowych praw natury i jej produktów. Osiągnięcie takiego celu będzie jednak wymagało zmian w finansowaniu innowacji czerwonej biotechnologii i przeniesienie ciężaru kosztów na instytucje publiczne. Tymczasem... wyścig „na patenty" trwa.



Badania DNA są kosztowne, ale czy to usprawiedliwia komercjalizację genomów?

9.8. Podsumowanie

- Wykorzystanie biotechnologii w antropologii i badaniach podstawowych:

• tworzenie bibliotek genomowych – tj. klonów bakterii (głównie *E. coli*) zawierających kompletne kopie sekwencji DNA człowieka

• realizacja projektu poznania ludzkiego genomu (Human Genome Project).

- Wykorzystanie biotechnologii w przemyśle i ochronie środowiska:

• modyfikacje genetyczne roślin (jako surowców używanych np. do produkcji biopaliw, w celu zwiększenia wysokości plonów) i mikroorganizmów do usuwania związków toksycznych (np. metali ciężkich)

• wytwarzanie polimerów biodegradowalnych (rozkładających się) do prostych substancji w krótkim okresie czasu.

- Wykorzystanie biotechnologii w medycynie i farmacji:

• wytwarzanie szczepionek DNA - stymulacja wytwarzania przeciwciał u człowieka bez kontaktu z patogenem;

• stosowanie sond DNA - wyszukiwanie w materiale genetycznym określonych sekwencji DNA (genów) w celu wykrywania schorzeń genetycznych;

• klonowanie terapeutyczne – klonowanie komórek macierzystych (pobieranych w stadium blastocysty) lub z krwi pępowinowej albo z tkanek osób dorosłych; przeszczepy komórek macierzystych i tkanek (inżynieria tkankowa);

• produkcja biofarmaceutyków, np. insuliny – wytwarzanych przez transgeniczne szczepy bakterii (farmakogenika);

• terapie genowe – modyfikowanie informacji genetycznej nieprawidłowo funkcjonujących komórek za pomocą metod biologii molekularnej, np. z użyciem wirusów (*in vivo* lub *ex vivo*).

- Wykorzystanie biotechnologii w rolnictwie:

• wytwarzanie organizmów GMO odpornych na oddziaływanie patogenów i na niesprzyjające warunki środowiska

• klonowanie reprodukcyjne roślin i zwierząt o cechach pożądanych przez człowieka lub zagrożonych gatunków.

- Wykorzystanie biotechnologii w wymiarze sprawiedliwości i sądownictwie:

• określanie profilu genetycznego umożliwiającego identyfikację osób (genetyczny „odcisk palca”).

9.9. Polecenia kontrolne

Polecenia kontrolne w postaci pliku pdf możesz pobrać z naszej strony

tutaj (wymagane połączenie z internetem).

BIORÓŻNORODNOŚĆ

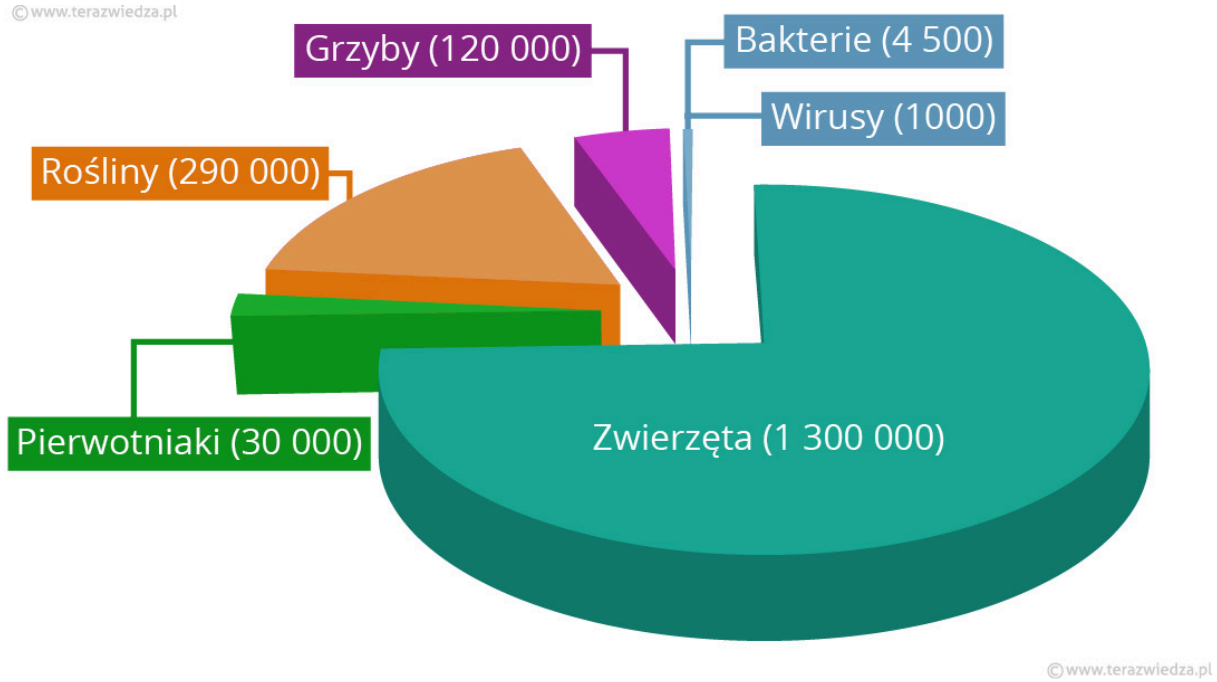
10. Źródła różnorodności biologicznej

Gdy obserwujemy zróżnicowanie świata istot żywych, intuicyjnie zadajemy sobie pytanie: ile gatunków zamieszkuje naszą planetę? Problem polega na tym, że nikt nie zna ich rzeczywistej liczby. Dotychczas opisano ponad 1,8 mln gatunków, przy czym najliczniejszą grupę stanowią zwierzęta, a wśród nich stawonogi. Badania wykazują jednak, że stan poznania nawet tak dużych i wydawałoby się „łatwych" do odkrycia zwierząt, jak ptaki i ssaki wciąż jest niepełny. Każdego roku opisywanych jest kilka nowych gatunków, jak np. antylopa *Pseudoryx nghetinhensis* odkryta dopiero w 1992 r.

Antylopa *Pseudoryx nghetinhensis* (lokalna nazwa Saola) jest jednym z najrzadszych i najbardziej zagrożonych gatunków ssaków. Poza Wietnamem występuje prawdopodobnie jeszcze tylko w Laosie. Wielkość całej populacji oceniana jest na kilkaset sztuk. Saola występuje wyłącznie na wolności w lasach oddalonych od osiedli ludzkich. Osiąga 85 cm wysokości w kłębie i 90 kg wagi. Żywi się głównie liśćmi figowców

Wziąwszy pod uwagę stan poznania innych grup organizmów takich, jak stawonogi czy grzyby oraz stan poznania ekosystemów oceanicznych i osadów dennych, możemy zakładać, że gatunków zamieszkujących Ziemię jest znacznie więcej. Szacowanie ich liczby odbywa się na podstawie tempa odkrywania i opisywania nowych gatunków. W zależności od przyjętej

metody ocenia się, że obecnie Ziemię zamieszkuje od 8 do ponad 15 mln gatunków roślin i zwierząt.



Liczba dotychczas opisanych gatunków

Różnorodność biologiczna Ziemi przejawia się nie tylko w zróżnicowaniu liczby gatunków zamieszkujących określone obszary. Jej częścią jest też zróżnicowanie genetyczne populacji i gatunków oraz zróżnicowanie ekosystemów.

Ważne! Dzięki Internetowi dokładne opisy skatalogowanych gatunków są dostępne dla taksonomów z całego świata. Instytucje naukowe zajmujące się tym zagadnieniem zwykle mają swoje strony internetowe. Możesz to wykorzystać, szukając np. informacji o nieznanym Ci organizmie. Przykładowe linki znajdziesz **tutaj** i **tutaj** (język ang.).

10.1. Różnorodność biologiczna i ewolucja

Pod względem podstawowych procesów fizyko-chemicznych wszystkie istoty żywe są do siebie dość podobne - realizują kilka podstawowych strategii metabolicznych, wykorzystując te same rodzaje makrocząsteczek: białka i kodujące je kwasy nukleinowe. Jednocześnie na Ziemi nie ma dwóch identycznych osobników. Dzieje się tak, ponieważ nawet klony i bliźnięta jednojajowe „gromadzą” odmienne mutacje (ściślej mówiąc, na

skutek mutacji powstają nowe sekwencje nukleotydów, czyli nowe geny i ich warianty). W ten sposób w przyrodzie nieustannie zwiększa się liczba różnych sekwencji DNA.

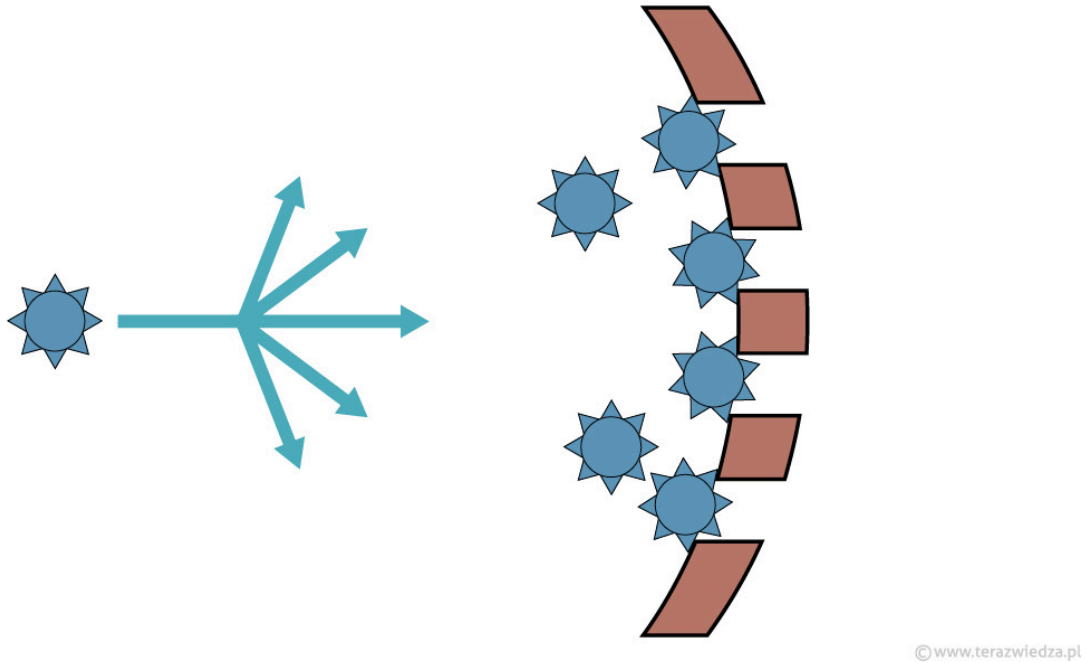
Motyl *Limenitis arthemis* z rodziny rusałkowatych występuje w Ameryce Północnej

Skoro wiemy, co jest podstawową przyczyną bioróżnorodności, czas zadać kolejne, trudniejsze pytanie: dlaczego na Ziemi jest tak wiele gatunków?

EWOLUCJA

Naukowych podstaw odpowiedzi poszukamy, cofając się w czasie aż do połowy XIX w. Wówczas dwaj angielscy badacze **C. Darwin** i **A.R. Wallace** odkryli mechanizm **doboru naturalnego** (selekcji naturalnej). To właśnie dobór naturalny powoduje, że jedne (lepiej dostosowane) osobniki przeżywają i pozostawiają potomstwo. Inne osobniki (gorzej dostosowane) żyją krócej i pozostawiają mniej potomstwa lub wcale. Oznacza to, że osobniki niosące geny niekorzystne przegrywają w „walce o byt" - ich geny są eliminowane przez „sito" selekcji naturalnej. „W grze" pozostają geny tych osobników, które warunkują najlepsze dostosowanie.

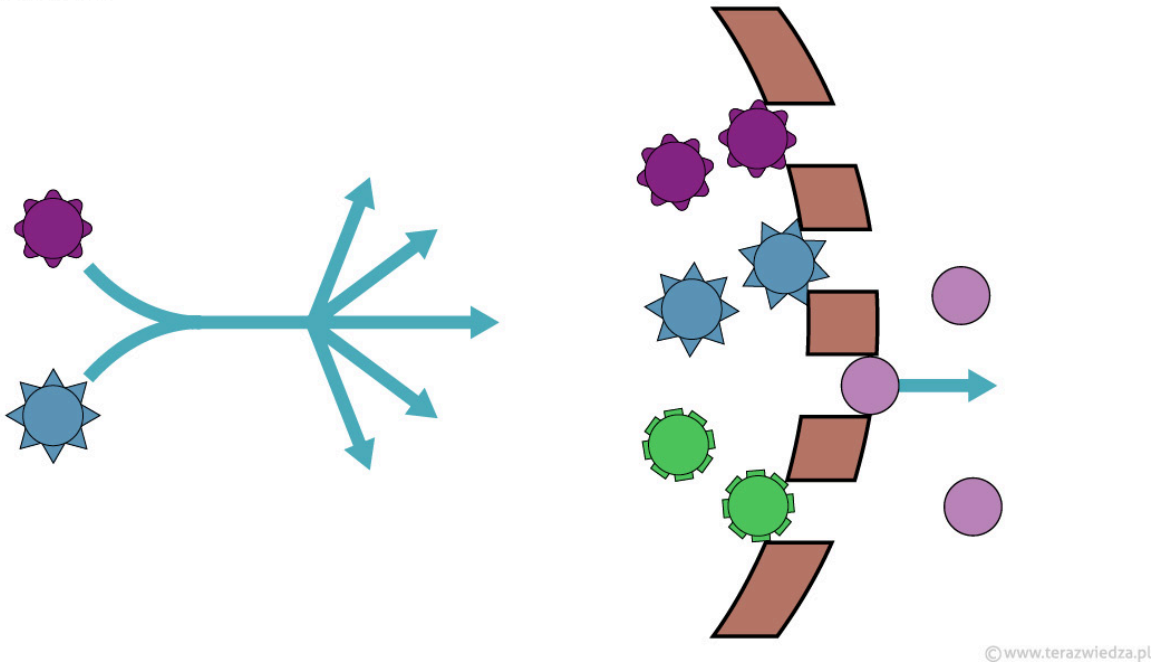
©www.terazwiedza.pl



©www.terazwiedza.pl

Brak różnorodności genetycznej - populacja (gatunek) wymiera

©www.terazwiedza.pl



©www.terazwiedza.pl

Duża różnorodność genetyczna - część populacji (gatunku) przeżywa

Dobór naturalny jest podstawą procesu ewolucji biologicznej polegającego na stopniowych zmianach organizmów. Wspomniane zmiany są skutkiem utrwalania i pogłębiania się dziedzicznych różnic między

poszczególnymi osobnikami i grupami osobników (różnice są skutkiem mutacji i rekombinacji genów). Pogłębianie się różnic pomiędzy izolowanymi grupami organizmów prowadzi z czasem do powstania nowych gatunków (**specjacji**). Tak rozumiana ewolucja wyjaśnia zarówno wielkie zróżnicowanie gatunków żyjących obecnie, jak i fakt, że są one inne od form zamieszkujących Ziemię w odległej przeszłości.

1. mutacje + rekombinacje + zróżnicowane przeżywanie = zmiany w populacjach organizmów

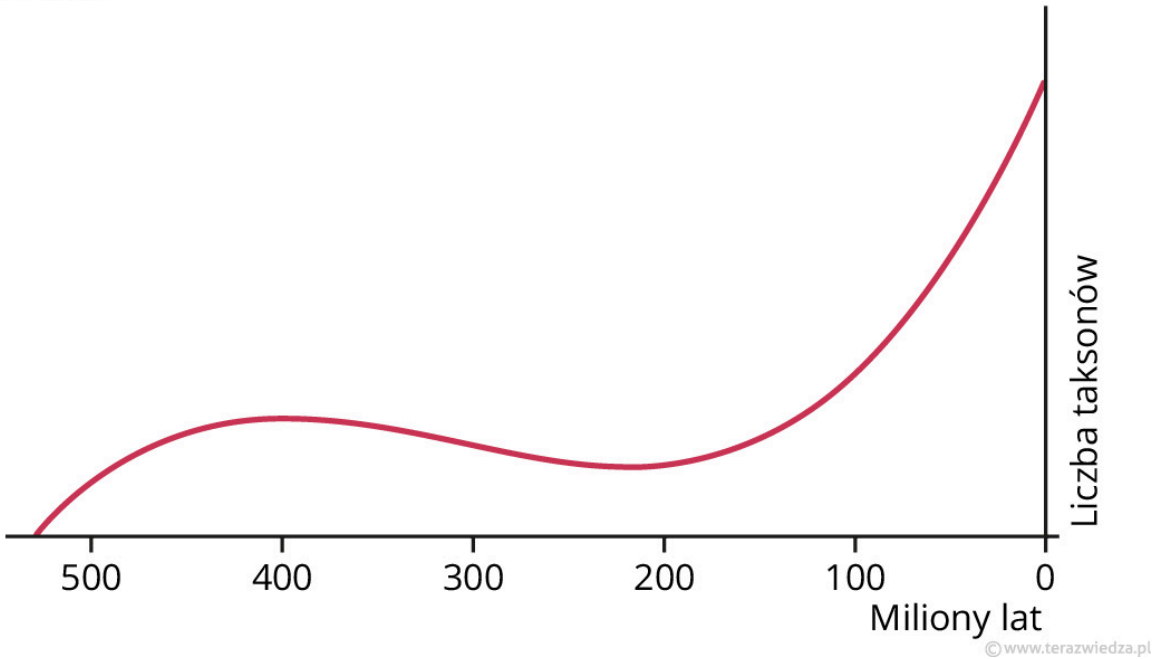
2. zmiany w populacjach organizmów + izolacja + czas = nowe gatunki

Częścią całej różnorodności biologicznej jest różnorodność organizmów hodowlanych wywoływana przez człowieka. Mówimy wówczas o działaniu doboru sztucznego (por. rozdz. 7).

10.2. Zmiany różnorodności biologicznej w czasie

O liczbie gatunków żyjących w przeszłości wiemy jeszcze mniej niż o liczbie gatunków współczesnych. Przyczyną jest niekompletność materiału dowodowego, czyli szczątków kopalnych. Dane, którymi dysponujemy pozwalają jednak stworzyć dość precyzyjny obraz zmian liczby taksonów w historii biosfery. Podstawowa tendencja jest oczywista - od początku, tj. od hipotetycznego przodka wszystkich organizmów, zaznacza się wyraźny wzrost liczby gatunków. Prawdziwa eksplozja różnorodności organizmów wielokomórkowych nastąpiła około 550 mln lat temu - na początku ery paleozoicznej i trwa do dzisiaj. Rozwój biosfery to jednak nie tylko procesy specjacji, ale także ekstynkcji, czyli wymierania gatunków.

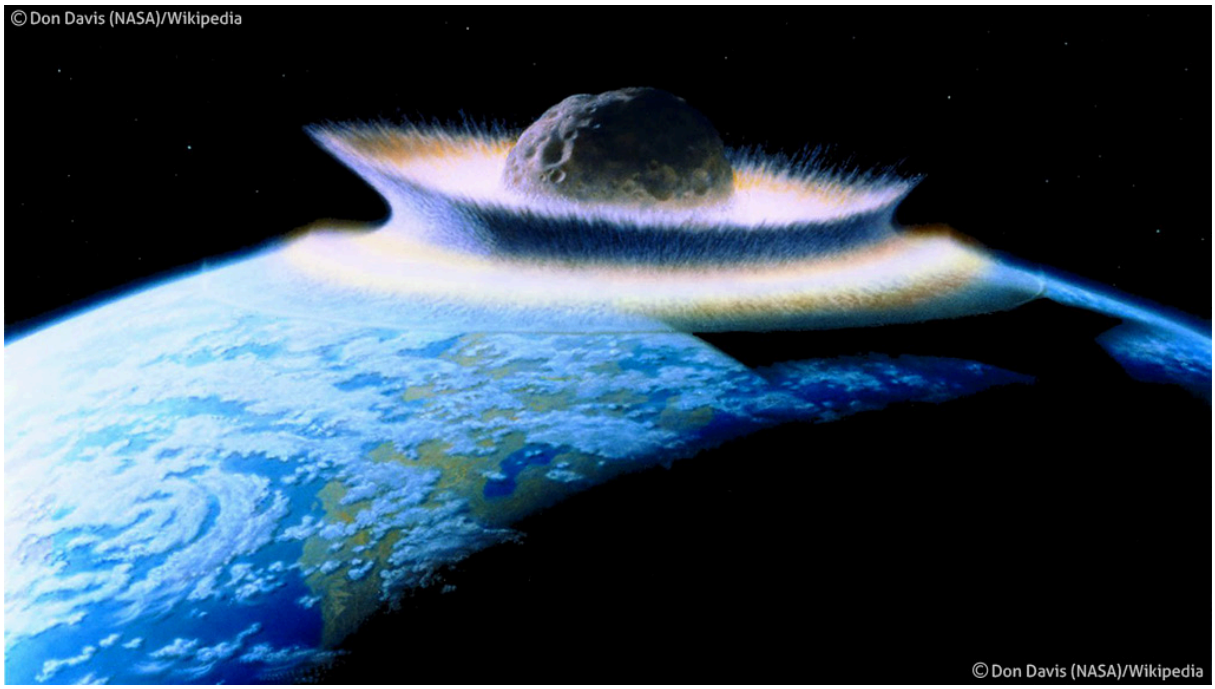
©www.terazwiedza.pl



©www.terazwiedza.pl

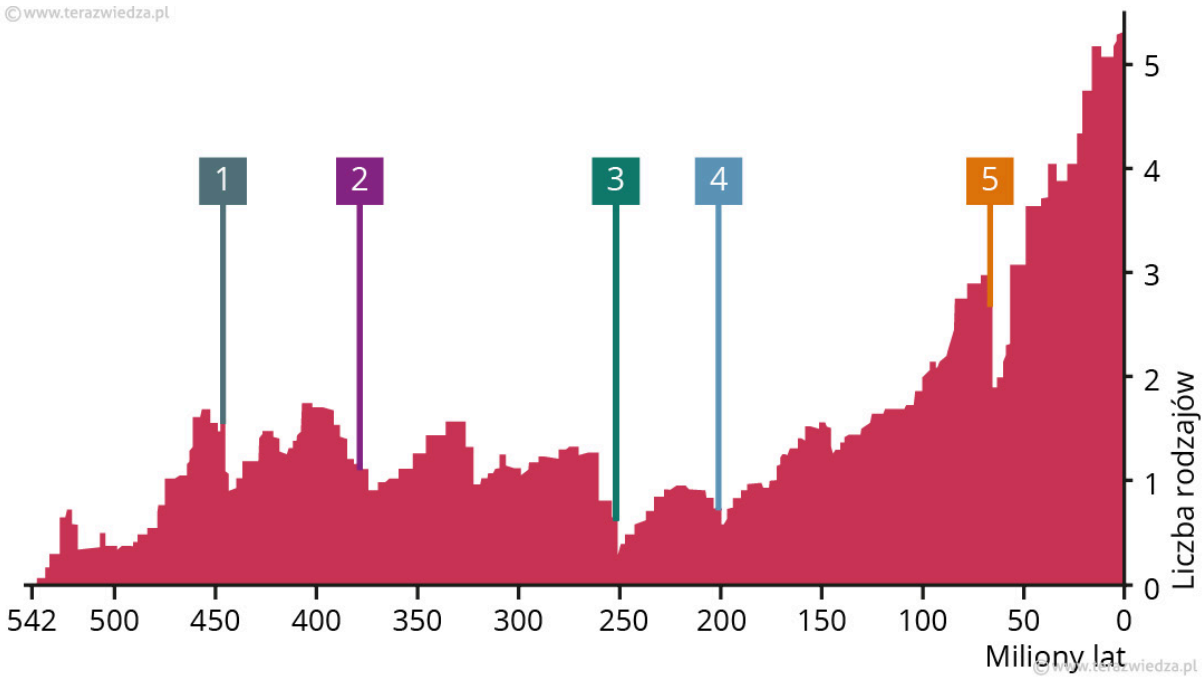
W ciągu ostatnich 200 mln lat wzrost liczby takich taksonów, jak gatunki i rodzaje był wykładniczy

Z reguły **ekstynkcja** jest procesem powolnym i liczba wymierających gatunków jest mniejsza niż liczba nowych (prawdopodobnie średnie tempo ekstynkcji wynosi jeden gatunek na rok lub niewiele więcej). Jednak w długiej historii biosfery miały miejsce epizody masowego ginięcia gatunków. Te tzw. **wielkie wymierania** tłumaczone są katastrofami kosmicznymi (np. uderzeniami asteroid), zjawiskami tektonicznymi (m.in. skutkami ścierania się i nasuwania płyt tektonicznych) lub wzmożonym wulkanizmem. Tego rodzaju wydarzenia prowadziły do katastrof ekologicznych i zasadniczych zmian klimatycznych, których żyjące organizmy nie były w stanie przetrwać.



Kosmiczny impakt - artystyczna wizja olbrzymiego ciała niebieskiego uderzającego w Ziemię

Dotychczas opisano pięć wielkich wymierań. Niektóre z nich były prawdziwymi spustoszeniami, np. podczas wymierania permskiego wyginęło ponad 80% wszystkich gatunków roślin i zwierząt zamieszkujących ówczesne lądy.



Pięć wielkich wymierań:

1. Wymieranie ordowickie – nastąpiło około 440 milionów lat temu, pod koniec ordowiku. Prawdopodobną przyczyną był wybuch położonej stosunkowo blisko Ziemi gwiazdy - tzw. supernowej. Doszło wówczas do poważnych zaburzeń w Układzie Słonecznym. Ich następstwem mogło być zlodowacenie prakontynentu - Gondwany. Prawdopodobnie zginęło wówczas około 85% ówczesnych gatunków (m.in. znaczna część trylobitów).

2. Wymieranie dewońskie – nastąpiło około 365 milionów lat temu (pod koniec dewonu). Prawdopodobną przyczyną było uderzenie rozpędzonego ciała kosmicznego w powierzchnię oceanu (tzw. „mokry impakt"). Doszło do zmiany klimatu, składu chemicznego wód oceanicznych i poważnych zaburzeń w ekosystemach. W wyniku tych zdarzeń w ciągu kilku milionów lat wyginęły m.in. pancerne ryby i bezżuchwowce oraz część trylobitów.

3. Wymieranie permskie – nastąpiło około 250 mln lat temu (pod koniec permu). Najprawdopodobniej przyczyną były uderzenia dużych planetoid (śladami są olbrzymie kratery na Antarktydzie i u północno-zachodnich wybrzeży Australii). Skutkiem było gwałtowne nasilenie zjawisk wulkanicznych oraz kolejna zmiana składu ziemskiej atmosfery. Zagładzie uległo prawie 90% gatunków morskich (m.in. wszystkie trylobity), większość gadów i płazów, a nawet 80% gatunków owadów. Był to również czas zagłady drzewiastych skrzypów, widłaków i paproci.

4. Wymieranie triasowe – nastąpiło około 200 milionów lat temu (pod koniec triasu). Było związane z nasileniem wulkanizmu i zmianami klimatu. Wymarło wówczas prawie 80% zwierząt morskich (m.in. liczne mięczaki) i lądowych (m.in. większość wczesnych gadów).

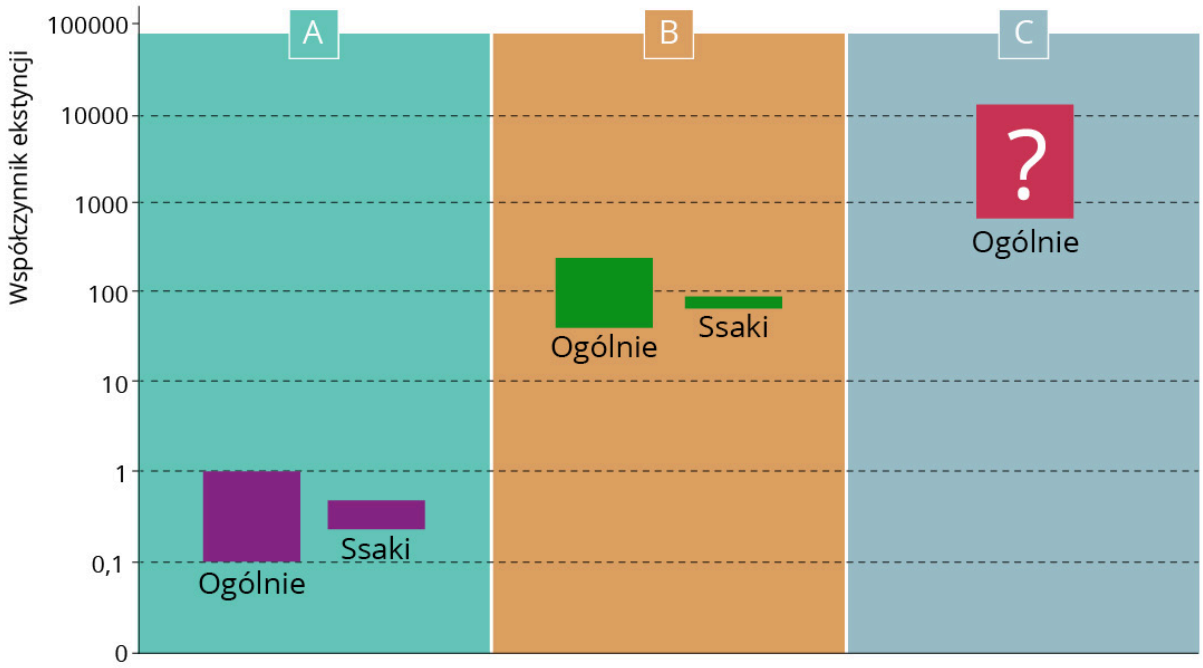
5. Wymieranie kredowe – doszło do niego około 65 milionów lat temu (na przełomie kredy i paleogenu). Było to jedno z najgwałtowniejszych wymierań, ponieważ trwało „zaledwie" kilkaset tysięcy lat. Prawdopodobną przyczyną był impakt (uderzenie) planetoidy w okolicach dzisiejszego Półwyspu Jukatan. Wymarły wówczas m.in. wszystkie dinozaury, pterozaury, plezjozaury, mezazaury, a także belemnity i amonity. Zagładzie uległy też liczne rośliny lądowe.

Ciekawe! O przyczynach prowadzących do masowych wymierań możesz przeczytać np. **tutaj**.

NOWE MASOWE WYMIERANIE

Od kilkudziesięciu tysięcy lat, a szczególnie w ciągu ostatnich 500 lat proces ekstynkcji ponownie się nasila. W tym czasie nie doszło do żadnej globalnej katastrofy w rodzaju impaktu ciała niebieskiego czy wybuchów superwulkanów. Sprawcą tego wymierania jest człowiek. Nasz gatunek okazał się nie tylko sprawnym drapieżnikiem. Stworzył cywilizację, która wykorzystuje zasoby przyrody w sposób rabunkowy. Według różnych ocen obecnie w ciągu jednego roku wymiera od 5 do 50 tysięcy gatunków. Tempo ekstynkcji jest więc już 1000 razy większe niż średnia

długookresowa i wciąż rośnie. Niedługo swoją gwałtownością zacznie przypominać masowe wymieranie w triasie.



Porównanie tempa wymierania jest trudne ze względu na małą liczbę danych. Skalę zjawiska oddaje jednak porównanie stosunkowo dobrze zbadanych grup, np. ssaków

A - Bazowy współczynnik tempa wymierania (ang. background extinction rate) pokazuje naturalne tempo tego procesu. W długiej skali czasowej wynosił mniej niż 1 gatunek wymarły na każde tysiąc gatunków w ciągu tysiąca lat.

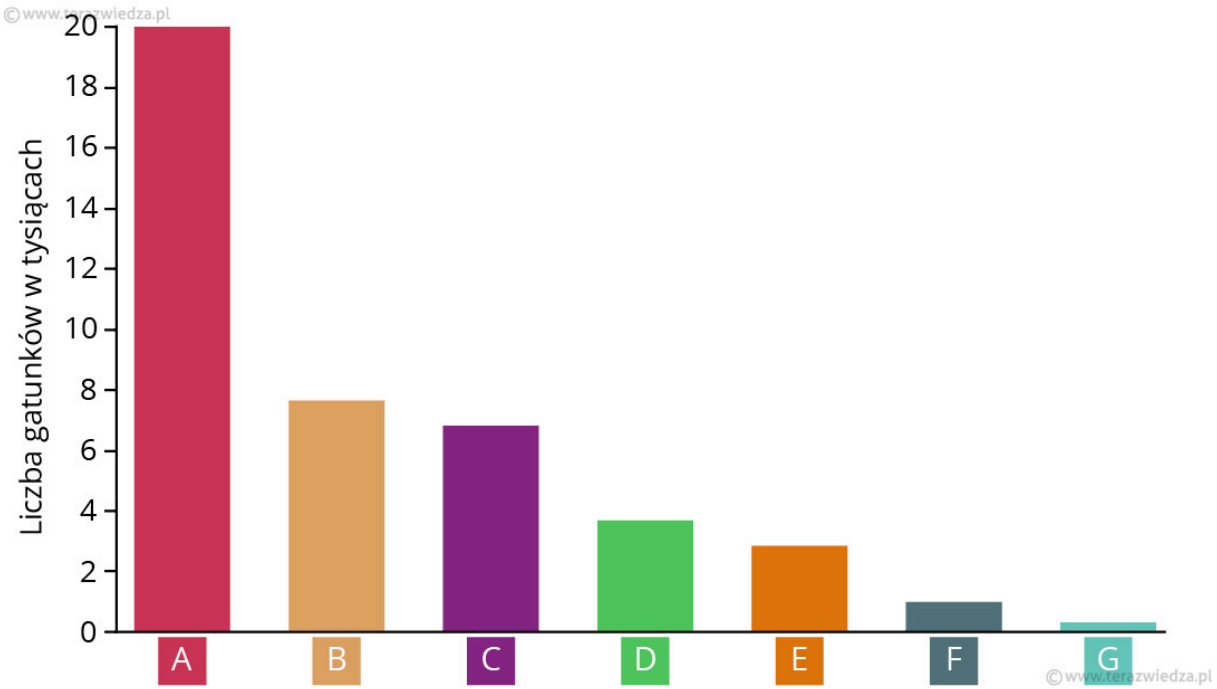
B - Obecnie współczynnik tempa wymierania (ang. extinction rate) osiągnął niepokojąco wysoki pułap. Przeliczeniowo jego uogólniona wartość wynosi już kilkaset gatunków wymarłych na każdy tysiąc w ciągu tysiąca lat. Oznacza to, że człowiek przyczynił się do zwiększenia tempa wymierania gatunków ponad 100-krotnie.

C - Według prognoz w niedalekiej przyszłości współczynnik tempa wymierania może wzrosnąć jeszcze 10-krotnie. Oznaczać to będzie załamanie zdolności odtwórczych biosfery!

10.3. Geograficzny rozkład różnorodności biologicznej

Ziemia nie jest planetą jednorodną. Mozaikowy układ lądów i oceanów, zróżnicowanie klimatu, a także siedlisk powodują, że flora i fauna wykazują silne zróżnicowanie geograficzne. Na przykład w wilgotnych lasach równikowych jest ponad 10 razy więcej gatunków drzew niż w lasach strefy umiarkowanej. Na lądolodzie Antarktydy praktycznie nie ma roślin naczyniowych, a we wspomnianych lasach równikowych ich liczba

przekracza 220 tysięcy.



Liczba opisanych gatunków kręgowców czworonożnych (w nawiasach podaliśmy jaki procent stanowią gatunki endemiczne)

A - Tropikalne lasy deszczowe i subtropikalne lasy wiecznie zielone (ok. 40%)

B - Tropikalne i subtropikalne formacje trawiaste, sawanny i zarośla (ok. 9%)

C - Pustynie i półpustynie oraz zarośla twardolistne strefy międzyzwrotnikowej (ok. 8%)

D - Formacje trawiaste strefy umiarkowanej (mniej niż 5% gatunków to endemity)

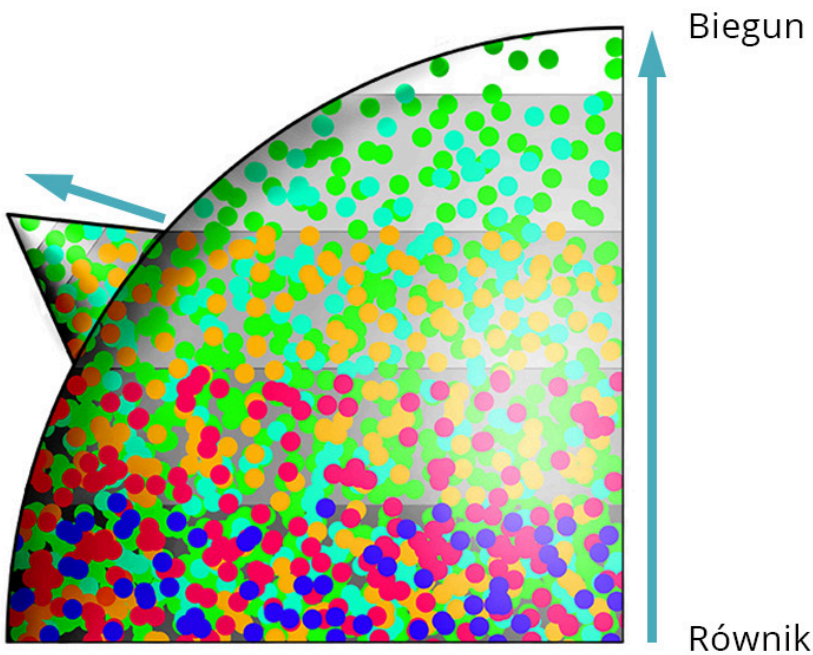
E - Lasy liściaste i mieszane oraz zarośla strefy umiarkowanej (ok. 5%)

F - Lasy iglaste strefy borealnej, czyli tajga (mniej niż 3%)

G - Tundra. Najmniejsza liczba gatunków (mniej niż 3%).

Wykazano, że geograficzne zróżnicowanie występowania gatunków cechuje kilka prawidłowości. Po pierwsze liczba gatunków jest największa w rejonach okołorównikowych i maleje w miarę przesuwania się ku biegunom Ziemi. Po drugie w górach występuje więcej gatunków niż na nizinach.

©www.terazwiedza.pl

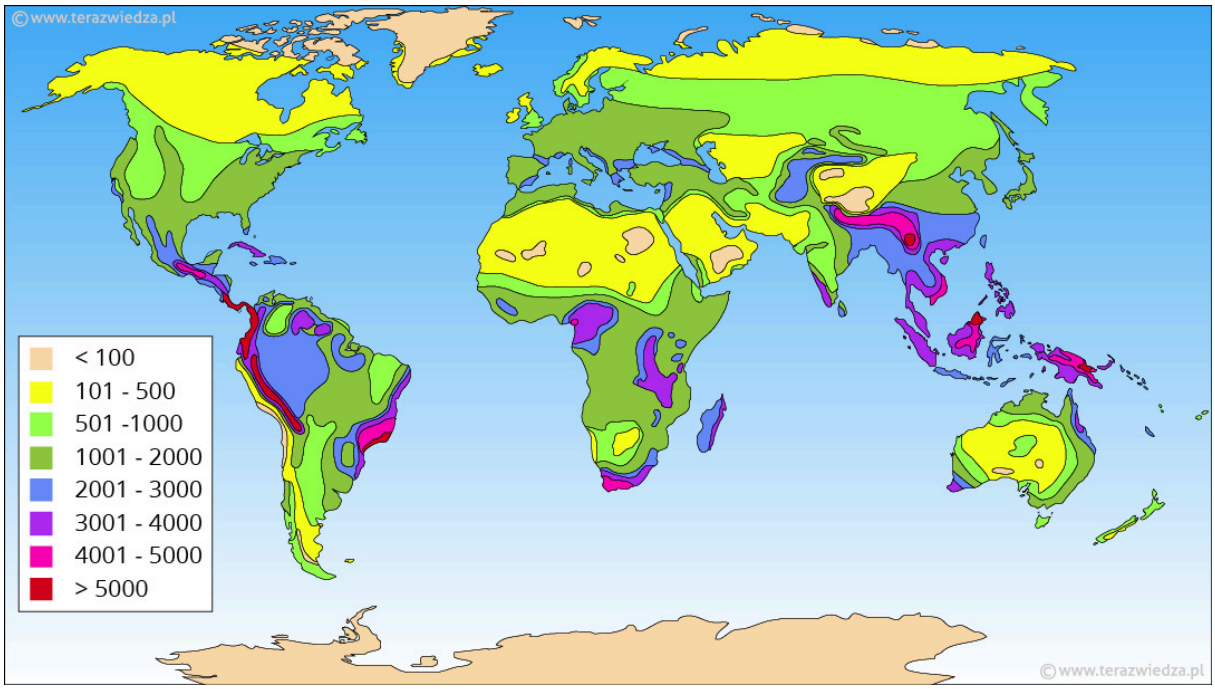


©www.terazwiedza.pl

Różnorodność gatunkowa zmniejsza się w miarę oddalania się od równika i wraz ze wzrostem wysokości nad poziom morza. Tendencję pokazują strzałki (por. też później rozkład różnorodności biologicznej w wysokich górach)

Prawidłowości te tłumaczone są kilkoma hipotezami. Jedna z nich mówi, że obszary okołorównikowe otrzymują większe ilości energii słonecznej, którą można „podzielić" na wiele gatunków (producentów i konsumentów) o wąskich zakresach tolerancji ekologicznej. Ważne jest też, że w tych rejonach wielkość opadów jest tak duża, że umożliwia wysokie tempo produkcji pierwotnej, ta zaś warunkuje różnorodność świata zwierząt. Posuwając się w stronę biegunów maleje ilość dostępnej energii świetlnej, a zwykle także i wody. Przekłada to się na zmniejszanie produkcji roślinnej, a co za tym idzie różnorodności gatunkowej.

Ciekawe! Chcesz poznać inne hipotezy tłumaczące zróżnicowanie gatunków, poszukaj informacji np. o regule Eduardo Rapoporta. Odwołuje się ona nie tylko do warunków klimatycznych, ale także do szerokości zakresu tolerancji ekologicznej.



Różnorodność gatunkowa roślin naczyniowych (wg W. Barthlott i N. Biedinger)

WYSOKIE GÓRY

Góry są jednostkami o dużej różnorodności biologicznej niezwiązanej bezpośrednio ze strefami klimatycznymi. Różnorodność biocenoz tych obszarów zależy przede wszystkim od wysokości nad poziomem morza. Ponieważ wraz z wysokością maleje temperatura, zmniejsza się także liczba gatunków. Gradient temperatury powoduje jednak, że w porównaniu z otaczającymi nizinami góry tworzą dużo bardziej zróżnicowane, „piętrowo" ułożone siedliska. Stąd w górach wykształcają się tzw. **piętra roślinności**. W Tatrach są to: pogórze, regiel dolny, regiel górny, piętro kosodrzewiny, hale oraz turnie.

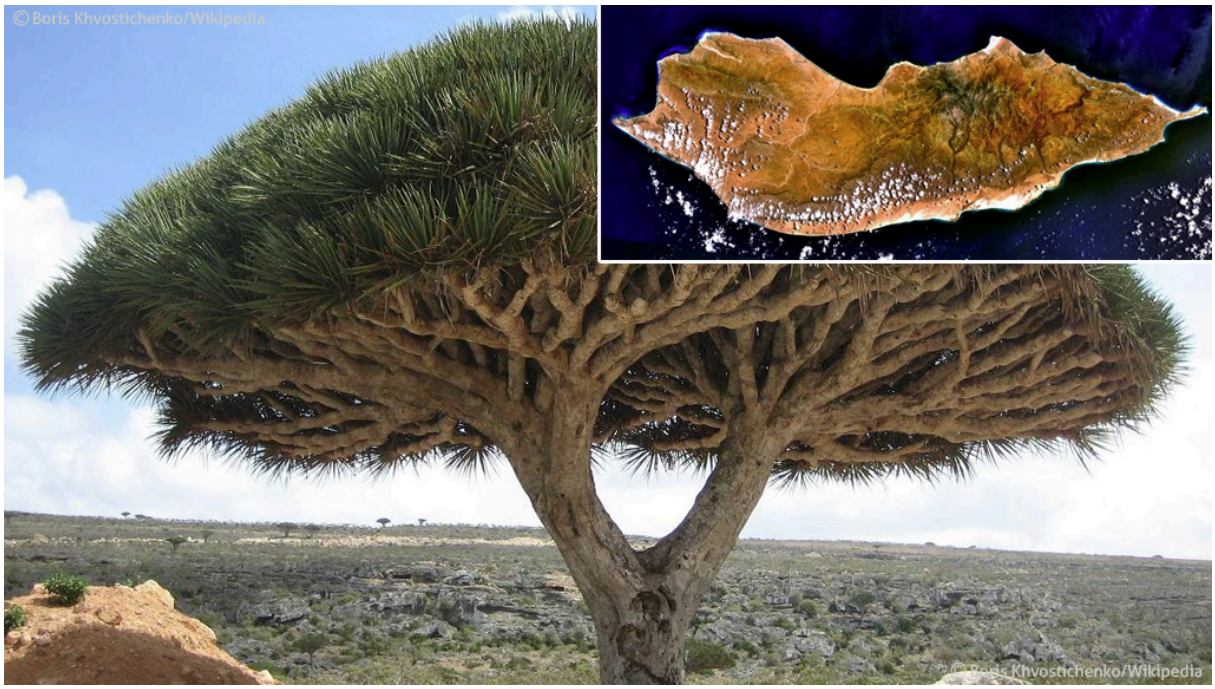
Chociaż wraz ze wzrostem wysokości liczba gatunków zmniejsza się, efekt „nakładania się" liczby gatunków poszczególnych pięter powoduje, że ich ogólna liczba jest większa niż na otaczających terenach nizinnych.

Piętra roślinności w górach (model 3d)

„Wyspowy" charakter gór, mozaikowy charakter siedlisk, piętrowy układ ekosystemów oraz zmienność warunków sprzyjająca stosunkowo szybkiej specjacji powodują, że obszary te cechują się dużą różnorodnością gatunkową. Na przykład Tatry zajmują mniej niż 0,5% powierzchni Polski, ale występuje tam 40% gatunków „naszych" roślin naczyniowych. Dodajmy też, że układ pięter roślinności i rozkład liczebności gatunków w górach przypomina nieco ogólny rozkład stref klimatyczno-roślinnych oraz zmiany różnorodności gatunkowej względem równika.

WYSPY OCEANICZNE

Wyspy oceaniczne, szczególnie te znajdujące się z dala od wybrzeży kontynentów, cechują się swoistą fauną i florą. Do najbardziej znanych wysp i archipelagów tego rodzaju należą: Madagaskar, Sokotra, Wyspy Galapagos, Seszele oraz Wyspy Kanaryjskie.



Sokotra i jej najbardziej znany endemit - drzewo smocze

Przyczyną ich biologicznej odrębności jest długotrwała **izolacja**. **Barierę** fizyczną uniemożliwiającą wymianę genów stanowi ocean. Te nieliczne organizmy, które kiedyś dotarły na wyspy zwykle miały bardzo dobre warunki do rozwoju, a ich zróżnicowane potomstwo mogło zajmować liczne wolne nisze ekologiczne. Innymi słowy izolacja powoduje, że nawet na niewielkim obszarze w stosunkowo krótkim czasie wielokrotnie może dojść do specjacji. Losowy charakter procesów ewolucyjnych powoduje, że są to gatunki inne niż na sąsiednich kontynentach. Dla wysp i innych izolowanych obszarów charakterystyczny jest więc duży udział gatunków endemicznych (por. rozdz. 1.2). Z racji swojego ograniczonego zasięgu endemity przedstawiają szczególną wartość dla całej bioróżnorodności.

10.4. Podsumowanie

Naturalne czynniki kształtujące bioróżnorodność

I. Genetyczne: rekombinacje, mutacje, losowa segregacja genów

II. Środowiskowe

- abiotyczne: warunki klimatyczne i siedliskowe
- biotyczne: interakcje wewnątrzpopulacyjne i międzygatunkowe

(antagonistyczne i nieantagonistyczne)

III. Zjawiska losowe: katastrofy, pożary, dryf genetyczny

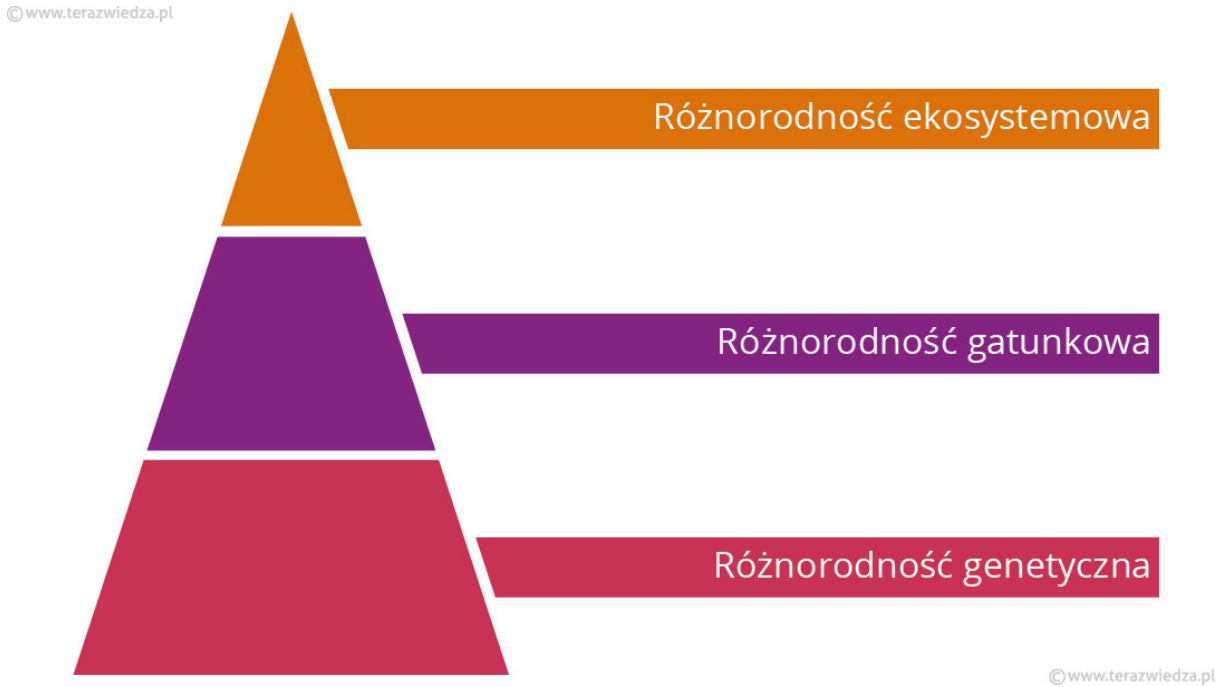
10.5. Polecenia kontrolne

Polecenia kontrolne w postaci pliku pdf możesz pobrać z naszej strony tutaj (wymagane połączenie z internetem).

11. Kategorie i miary bioróżnorodności

Zgodnie z międzynarodowymi konwencjami różnorodność biologiczna to zróżnicowanie wszystkich żywych organizmów występujących na Ziemi w ekosystemach lądowych, słodkowodnych i morskich oraz zróżnicowanie zespołów ekologicznych, których częścią są te organizmy. Porównując różnorodność biologiczną rozmaitych obszarów, stosuje się takie wskaźniki, jak opisane przed chwilą **bogactwo gatunkowe** (liczba znalezionych gatunków), czy **udział rzadkich gatunków** (endemitów). Inną prostą i szybką metodą jest **wskaźnik Shannona-Wienera**, który wykorzystuje szacunek prawdopodobieństwa, że dwa wylosowane z próbki osobniki będą należały do różnych gatunków. Im wyższe jest to prawdopodobieństwo, tym większa jest różnorodność biologiczna.

Obecnie lawinowo zwiększa się liczba prac badawczych i analiz dotyczących różnorodności biologicznej na poziomie **wewnątrzgatunkowym**, **międzygatunkowym** oraz **ekosystemowym**. W pierwszym przypadku badana jest różnorodność genetyczna (zróżnicowanie genów), w drugim - różnorodność gatunkowa (zróżnicowanie gatunków), w trzecim - różnorodność ekosystemowa (zróżnicowanie ekosystemów).



Poziomy różnorodności

11.1. Różnorodność genetyczna

Rozmnażanie bezpłciowe jest prostym, szybkim i skutecznym sposobem zwiększania liczby osobników potomnych. Rozmnażanie płciowe jest znacznie bardziej skomplikowane (przede wszystkim wymaga wytworzenia gamet i zapewnienia im możliwości połączenia się). Dlaczego zatem większość organizmów rozmnaża się płciowo? Odpowiedź jest prosta. Ten sposób rozmnażania się zwiększa różnorodność genetyczną. Duże zróżnicowanie genów osobników należących do jednego gatunku lub populacji powoduje, że grupa jako całość ma większe szanse na przetrwanie. Im zasobniejsza jest pula genów, tym większe jest prawdopodobieństwo, że przynajmniej część osobników ma geny (allele) lub ich kombinacje umożliwiające przeżycie. W warunkach gdy np. zmienia się klimat lub pojawiają się nowe pasożyty, różnorodność genetyczna staje się potencjałem adaptacyjnym gatunku. Prościej mówiąc, jest swoistym „zapasem na nieznaną przyszłość”. Im jest on większy, tym większe są szanse na przetrwanie.

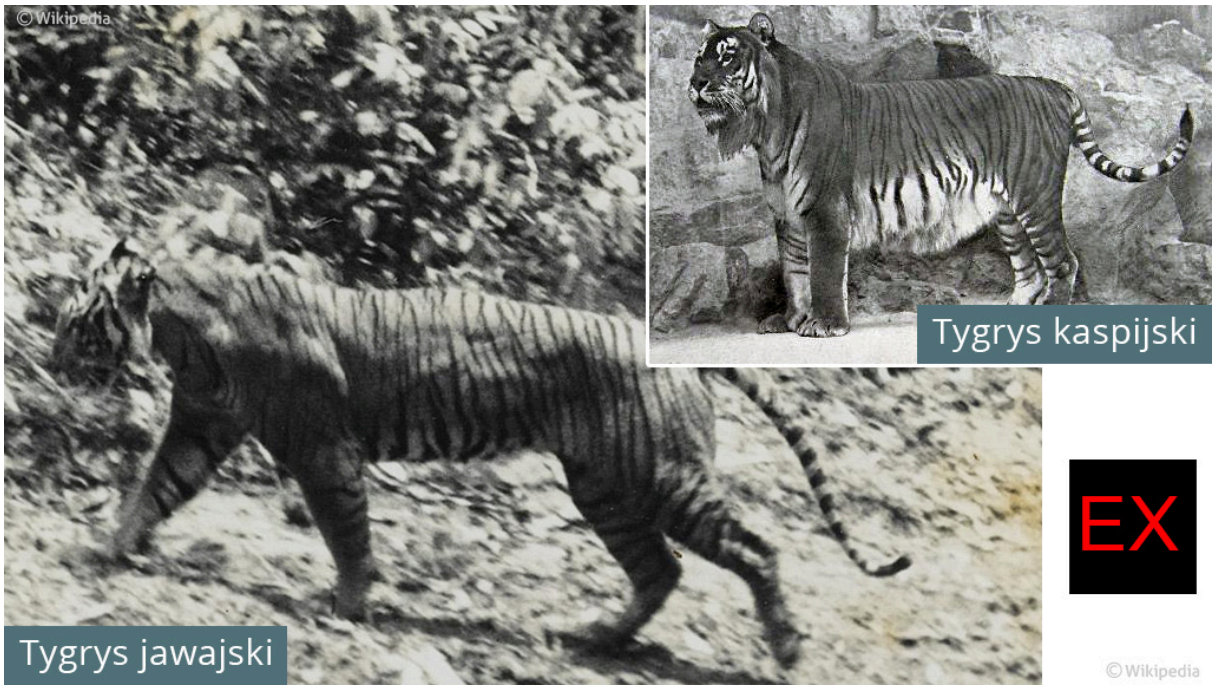
Gatunki obupłciowe zwiększają szanse na sukces rozrodczy przez zapłodnienie krzyżowe

O tym, że różnorodność genetyczna jest ważna świadczy przykład gepardów. W końcu XIX w. i tak niska liczebność tych kotów drastycznie spadła. Żyjące dzisiaj osobniki są więc potomkami małej grupy i siłą rzeczy są pod względem genetycznym bardzo do siebie podobne (mają 99% identycznych alleli, podczas gdy inne ssaki ok. 80%). Mimo wielu starań na początku XXI w. śmiertelność wśród gepardów jest niezwykle wysoka (95% osobników ginie przed osiągnięciem pełnej dojrzałości).

U ssaków drapieżnych szanse na sukces rozrodczy zwiększa opieka nad potomstwem

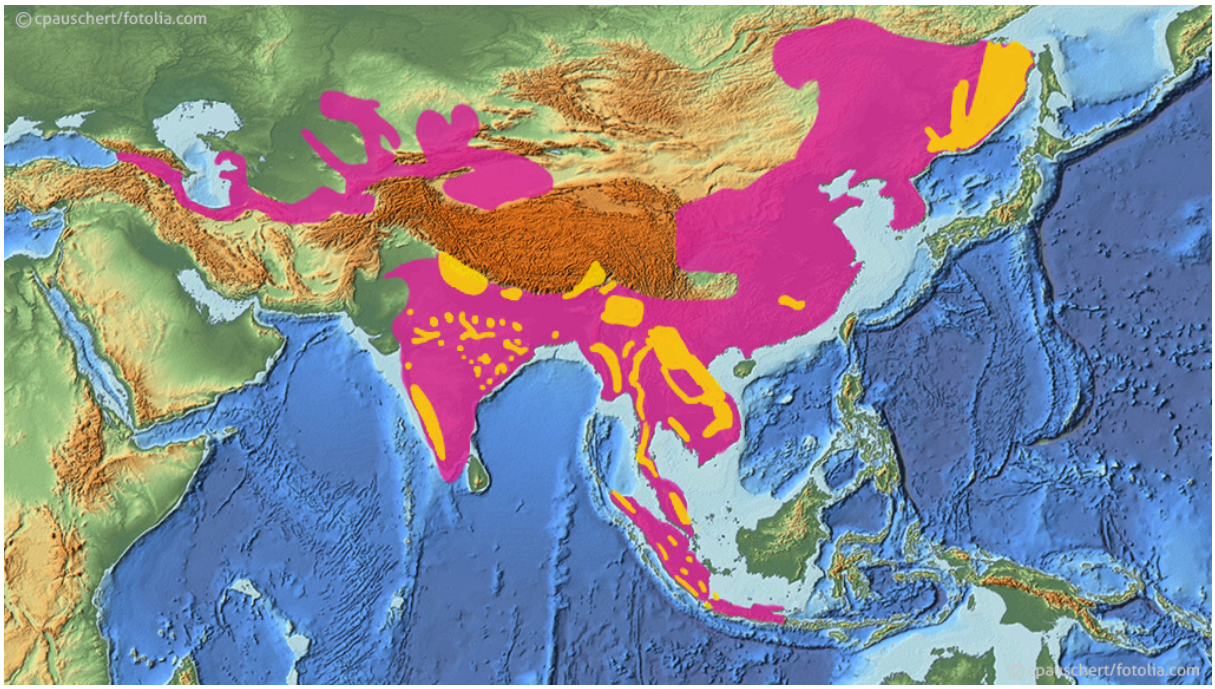
Uwaga: O ratowaniu tych pięknych kotów możesz przeczytać **tutaj** (język ang.).

Współczesne badania potwierdziły też, że zmienność genetyczna (rozumiana tu jako wielkość puli genowej) zapewnia adaptacje do lokalnych warunków środowiskowych. Dzieje się tak, ponieważ nawet niewielkie różnice warunków wpływają na przeżywalność osobników. Wymarcie tygrysa kaspijskiego i jawajskiego oznacza więc utratę unikatowych alleli, które zapewniały tym podgatunkom możliwość przeżycia na obszarach wokół Morza Kaspijskiego i na Jawie. Można przyjąć, że reintrodukcja tygrysa na tych obszarach, np. z wykorzystaniem podgatunku sumatrzańskiego, nie będzie możliwa.



Wymarłe podgatunki tygrysa

Sytuacja wszystkich tygrysów jest fatalna. Na skutek polowań, kłusownictwa i niszczenia siedlisk ich populacje są już tak małe, że balansują na granicy wymarcia. Tak jak w przypadku gepardów czy pand wielkich, krzyżowanie się małej liczby blisko spokrewnionych osobników (inbreeding) jest zjawiskiem niekorzystnym, ponieważ znacznie częściej niż w dużych populacjach prowadzi do ujawnienia niekorzystnych alleli recesywnych. Do tego dochodzi jeszcze ryzyko przyspieszonego dryfu genetycznego, czyli przypadkowych zmian częstości występowania danego allelu w populacji.



Zmiana zasięgu tygrysa (*Panthera tigris*) - żółtym kolorem zaznaczyliśmy zasięg współczesny

11.2. Różnorodność gatunkowa

Na bogactwo gatunkowe (różnorodność gatunkową) danego obszaru składają się nie tylko gatunki rzadkie, np. endemiczne lub reliktowe, ale także te pospolite, mające duże zasięgi. Mały zasięg gatunku oznacza, że prawdopodobnie ma on wąski zakres tolerancji ekologicznej (przynajmniej względem jednego czynnika środowiskowego).

Odkryta w 2003 r. **żaba purpurowa** ma bardzo mały zasięg (znana jest tylko z kilku stanowisk)

Duże zasięgi gatunków wynikają z szerokiej tolerancji względem wielu czynników środowiskowych. Czynnikami środowiskowymi wpływającymi na funkcjonowanie osobników są nie tylko warunki fizyko-chemiczne, ale także inne organizmy. Gatunki powiązane są ze sobą różnymi zależnościami antagonistycznymi (np. konkurencja, drapieżnictwo, pasożytnictwo) lub nieantagonistycznymi (np. symbioza, protokooperacja). W ten sposób w biocenozach wytwarza się stan dynamicznej równowagi. Często sieć zależności powoduje, że nawet gatunki o szerokiej tolerancji ekologicznej mogą zależeć od swoich mniej licznych, wyspecjalizowanych sąsiadów.

Zasięg muchołówki szarej obejmuje dużą część Europy i Azji

Różnorodność gatunkowa zależy więc nie tylko od czynników abiotycznych, ale także od czynników biotycznych. Zatem tylko utrzymanie pełnej różnorodności gatunkowej umożliwi zachowanie istniejących ekosystemów. Tymczasem badania stanu zachowania kilku tysięcy populacji 2688 gatunków kręgowców wykazują, że ich liczebność zmniejszyła się w skali globalnej o ponad 30% w ciągu ostatnich 40 lat!

11.3. Różnorodność ekosystemowa

O tym, jaki ekosystem rozwinie się na danym obszarze decydują przede wszystkim lokalne czynniki klimatyczne (m.in. intensywność nasłonecznienia, wilgotność, temperatura), rodzaj podłoża (gleby), historia (przeszłość geologiczna, sukcesja ekologiczna), a od jakiegoś czasu także człowiek. Różnorodność ekosystemowa mierzona jest liczbą różnych ekosystemów występujących na danym obszarze. Największa występuje więc tam, gdzie jest duże zróżnicowanie siedlisk. Geograficzny rozkład różnorodności ekosystemowej jest przy tym dość podobny do różnorodności gatunkowej - największe zróżnicowanie występuje na obszarach tropikalnych i w wysokich górach.

Człowiek od tysięcy lat przekształca ekosystemy. Tam, gdzie powstają **ekosystemy pierwotne** (minimalnie zmienione) i **naturalne** (torfowiska,

niektóre lasy odnawiające się samoistnie) nie dochodzi do zmniejszania bioróżnorodności. Niestety na przykład w Europie stanowią one mniej niż 1% powierzchni lądów. Zdecydowanie najwięcej jest **ekosystemów półnaturalnych** (łąk kośnych, pastwisk) i **sztucznych** (pól uprawnych). Te ostatnie mają już bardzo „okrojony" skład gatunkowy.

Ekosystemy półnaturalne i sztuczne w krajobrazie Polski

Najgorsze jest to, że wciąż (nawet w Europie) rośnie wielkość **obszarów zdegradowanych**, na których nie ma już normalnych ekosystemów.

Na obszarach zdegradowanych nie rozwijają się normalne ekosystemy

11.4. Podsumowanie

Poziomy bioróżnorodności

I. Genetyczna - zróżnicowanie genów

- Wielość puli genowej populacji tego samego lub różnych gatunków
- Zróżnicowanie alleli puli genowej
- Przepływ genów
- Częstość mutacji.

II. Gatunkowa - zróżnicowanie gatunków

- Wskaźnik bogactwa (różnorodności) gatunkowego
- Udział gatunków endemicznych, reliktowych i rzadkich
- Wskaźnik Shannona-Wienera
- Wielość gatunków występujących na określonej powierzchni lub w określonym środowisku.

III. Ekosystemowa - zróżnicowanie ekosystemów

- Wielość siedlisk, ekosystemów, zróżnicowanie krajobrazów
- Liczba i bogactwo gatunkowe ekosystemów
- Unikalność ekosystemów.

11.5. Polecenia kontrolne

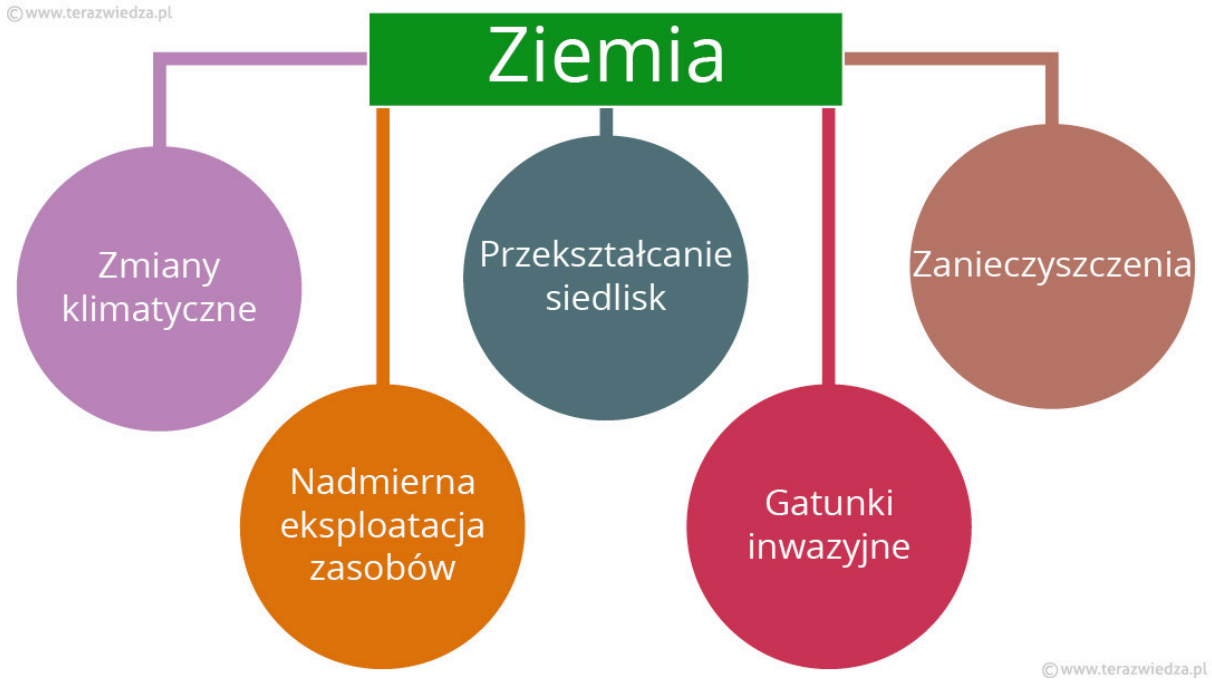
Polecenia kontrolne w postaci pliku pdf możesz pobrać z naszej strony tutaj (wymagane połączenie z internetem).

12. Zagrożenia różnorodności biologicznej

Biosfera to przestrzeń ziemska zajmowana przez organizmy żywe. Ma ona grubość zaledwie około 20 km (licząc od górnej granicy troposfery do największych głębi hydrosfery). Znacząca większość organizmów występuje na powierzchni litosfery, w wierzchniej warstwie hydrosfery oraz w dolnych warstwach atmosfery.

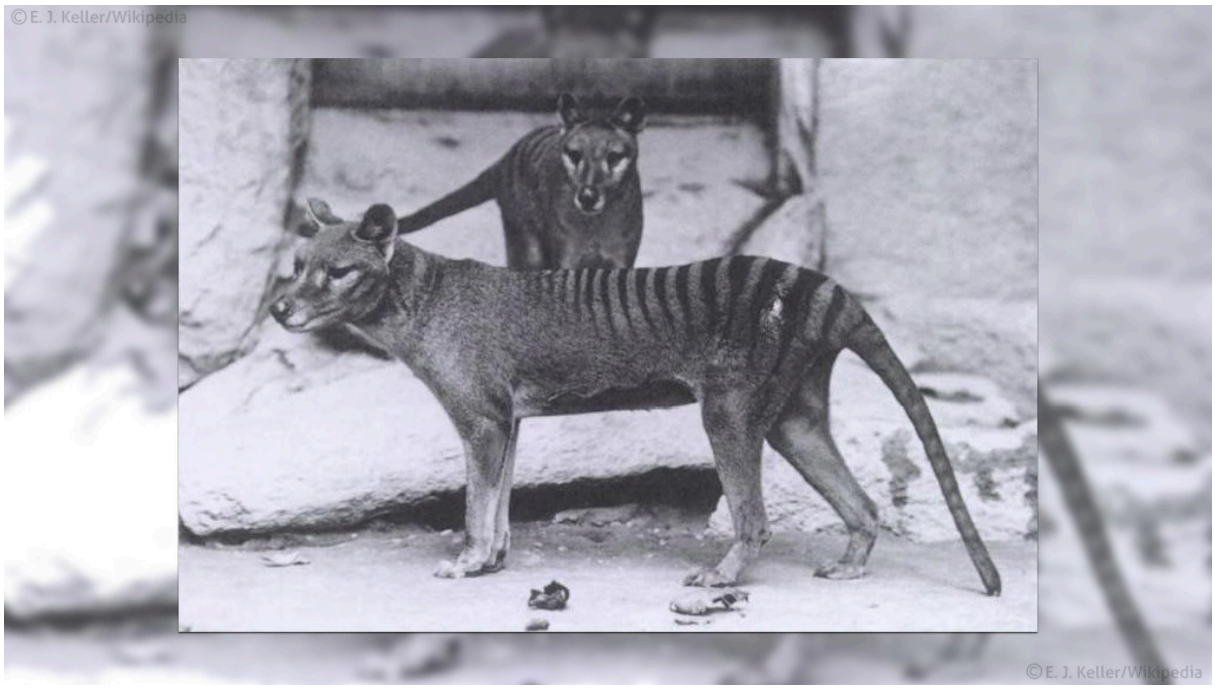
12.1. Wpływ człowieka na różnorodność biologiczną

Człowiek niszczy bioróżnorodność przekształcając środowisko fizyczne, wprowadzając do niego zanieczyszczenia chemiczne, nadmiernie eksploatując zasoby roślin i zwierząt, a także zmieniając relacje międzygatunkowe. Historycznie rzecz ujmując, pierwsze niekorzystne zmiany związane były z polowaniami i rolnictwem, później z rozwojem przemysłu (wydobywczego i przetwórczego), energetyki, transportu, gospodarki komunalnej, a w końcu nawet turystyki. Obecnie działania doprowadziły do wielu niekorzystnych zmian w biosferze. Jednym z katastrofalnych skutków tych zmian jest wspomniane już nowe masowe wymieranie. Media nazwały je szóstym wielkim wymieraniem. Czy na wyrost? Przekonajmy się sami.



POLOWANIA, ŁOWIECTWO I RYBOŁÓWSTWO

Pokarm zwierzęcy jest dobrym źródłem łatwo przyswajalnych białek, tłuszczów i witamin. Między innymi dlatego człowiek od tysięcy lat poluje i łowi. Polowania doprowadziły do wyginięcia licznych gatunków, na przykład tura w Europie, dronta dodo na wyspie Mauritius, gołębia wędrownego w Ameryce, wilka workowatego w Australii, dropi w Polsce, wcześniej zaś ssaków należących do tzw. megafauny plejstoceńskiej.



Na początku XX w. wilka workowatego próbowano ratować w kilku ogrodach zoologicznych (na zdjęciu z 1906 r. widać dwa osobniki w waszyngtońskim ogrodzie zoologicznym). Działania te nie przyniosły efektów. Ostatni wilk workowaty padł w 1936 w Hobart. Od tego czasu pojawiają się doniesienia o wilkach workowatych żyjących wciąż na Tasmanii, ale nie zostały one potwierdzone

Rozwój technik połowowych, między innymi używanie dalekomorskich trawlerów-przetwórni i elektronicznych metod lokalizowania ławic, doprowadził do **przełowienia** większości łowisk na Atlantyku i Pacyfiku (populacje np. tuńczyków są już zbyt małe, aby się odnawiać). Z ostatniego raportu na temat stanu światowych zasobów ryb i akwakultury (State of the World's Fisheries and Aquaculture) wynika, że w 2009 roku 57% łowisk było eksploatowanych na granicy możliwości ich odtwarzania, a kolejne 30% stale przeławianych. Dramatycznie spada też liczebność wielkich morskich ssaków, np. płetwala błękitnego czy humbaków. Prawdopodobnie przyczyną są tu nie tylko kłusownicy i japońscy rybacy, ale także zanieczyszczenia wód oceanicznych. Rybołówstwo śródlądowe było przyczyną zaniku wielu ryb wędrownych, np. jesiotra bałtyckiego w polskich rzekach.

ROLNICTWO

Człowiek wykorzystywał rolniczo tysiące odmian roślin i ras zwierząt. Początkowo powstawanie półnaturalnych ekosystemów łąk i pastwisk

rozdzielanych miedzami i zadrzewieniami prowadziło do zwiększania różnorodności biologicznej. Z czasem jednak zaczęły przeważać skutki negatywne. Zajmowanie kolejnych terenów pod uprawy, nadmierny wypas, koncentracja pól i mechanizacja doprowadziły do spadku różnorodności biologicznej. Dodajmy do tego stosowanie środków chwastobójczych – **herbicydów** i owadobójczych – **insektycydów** niszczących nie tylko chwasty i szkodniki, ale często też na przykład owady zapylające kwiaty.

Pomnik pszczoły - to nie żart, ale wartościowa inicjatywa

Ważne! O tym, czy neonikotynoidy i inne pestycydy doprowadzą do wyginięcia owadów zapylających m.in. rośliny użytkowe przeczytaj np. tutaj i tutaj. Wyjaśnij, jakie skutki gospodarcze miałoby wymarcie pszczół, trzmieli i innych owadów zapylających rośliny użytkowe.

Trucizny te kumulują się w wyższych poziomach troficznych (w organizmach zwierząt drapieżnych lub hodowlanych). Zwiększanie wydajności w rolnictwie intensywnym wiąże się też ze stosowaniem **nawozów sztucznych**. Ich nadmiar wzbogaca niemal wszystkie wody powierzchniowe (mówimy wówczas o **eutrofizacji**; jej skutkiem może być nawet zanik wszystkich organizmów tlenowych). Taki sam efekt powodują ścieki z wielkich farm hodowlanych. Od kilkunastu lat przyczyną spadku różnorodności biologicznej jest też stosowanie niewielkiej liczby

wyselekcjonowanych odmian roślin i zwierząt (często są to organizmy transgeniczne).

Niekiedy zawleczone lub wprowadzone celowo organizmy okazują się **formami inwazyjnymi** (ang. Invasive Alien Species). Gatunki inwazyjne cechuje bardzo duża ekspansywność. Często wypierają więc gatunki lokalne, ograniczając wielkość ich populacji lub wręcz prowadząc do ich wyginięcia. Niektóre gatunki inwazyjne są przy tym szkodnikami. Uznaje się, że gatunki inwazyjne są dzisiaj jednym z największych zagrożeń dla światowej bioróżnorodności.

Ślinik luzytański: zawleczony z produktami warzywnymi z Hiszpanii jest jednym ze 100 najbardziej inwazyjnych gatunków w Europie. Sprawdź ich listę na stronie DAISIE (Delivering Alien Invasive Species Inventories for Europe)

Uwaga: Polską stronę zajmującą się tym zagadnieniem znajdziesz tutaj.

Rolnictwo odpowiada za 24% zużycia wody w Europie. Tak wielkie zużycie wody słodkiej przyczynia się do jej niedoborów, które pociągają za sobą zmiany stosunków wodnych na dużych obszarach. Zanik wilgotnych łąk i występujących tam gatunków to tylko jeden z negatywnych skutków. O problemach związanych z nadmiernym zużyciem wody w europejskim rolnictwie możesz przeczytać np. **tutaj**. Obecnie w rolnictwie stosuje się środki ochronne nowej generacji oraz staranniej przeprowadza nawożenie

(służą temu m.in. badania stopnia eutrofizacji jezior). Z kolei nowe techniki uprawy roślin zmniejszają zużycie wody. Jak wiesz, w sukurs przychodzi też biotechnologia, np. nowe odmiany ryżu i ziemniaka odporne na wirusy zwiększają plony i pośrednio zmniejszają zużycie wody.

Nowoczesne sposoby uprawy mogą zmniejszyć zużycie wody nawet o 70%

PRZEMYSŁ

Podczas wydobywania i obróbki surowców kopalnych powstają ogromne ilość **odpadów** (m.in. wielkie hałdy skały płonnej w pobliżu kopalni węgla i rud metali oraz szlam zawierający trujące sole metali ciężkich). Kopalnie odkrywkowe i głębinowe niszczą okoliczne warstwy wodonośne. Górnictwo naftowe, szczególnie platformy wiertnicze i tankowce, stanowią wielkie zagrożenie dla wszystkich biocenoz morskich wraz z wybrzeżami. Przykładem jest skażenie Zatoki Meksykańskiej po wybuchu głębokowodnej platformy wiertniczej Deepwater Horizon w 2010 r. W Polsce rozwija się gałąź przemysłu wydobywczego zajmująca się pozyskiwaniem gazu ziemnego z **łupków osadowych**. Badania dotyczące wpływu tej metody wydobywczej na wody podziemne dają sprzeczne wyniki, np. raport Massachusetts Institute of Technology (MIT) z 2011 r. stwierdza przypadki skażenia wód podziemnych metanem i chemikaliami wtłaczanymi do odwiertów. Zatem jeśli przemysł ten ma się rozwijać,

powinien zmodyfikować technologię tak, by zapobiegać podobnym wydarzeniom w przyszłości.

Wydobycie gazu łupkowego oznacza zarówno oszpecenie krajobrazu, jak i problem milionów litrów zanieczyszczonej wody, która pozostaje w każdym odwiercie (ocenia się, że można odzyskać tylko do 70% roztworu). Jednak wydaje się, że w Polsce jest to i tak najlepszy wariant zapewnienia bezpieczeństwa energetycznego

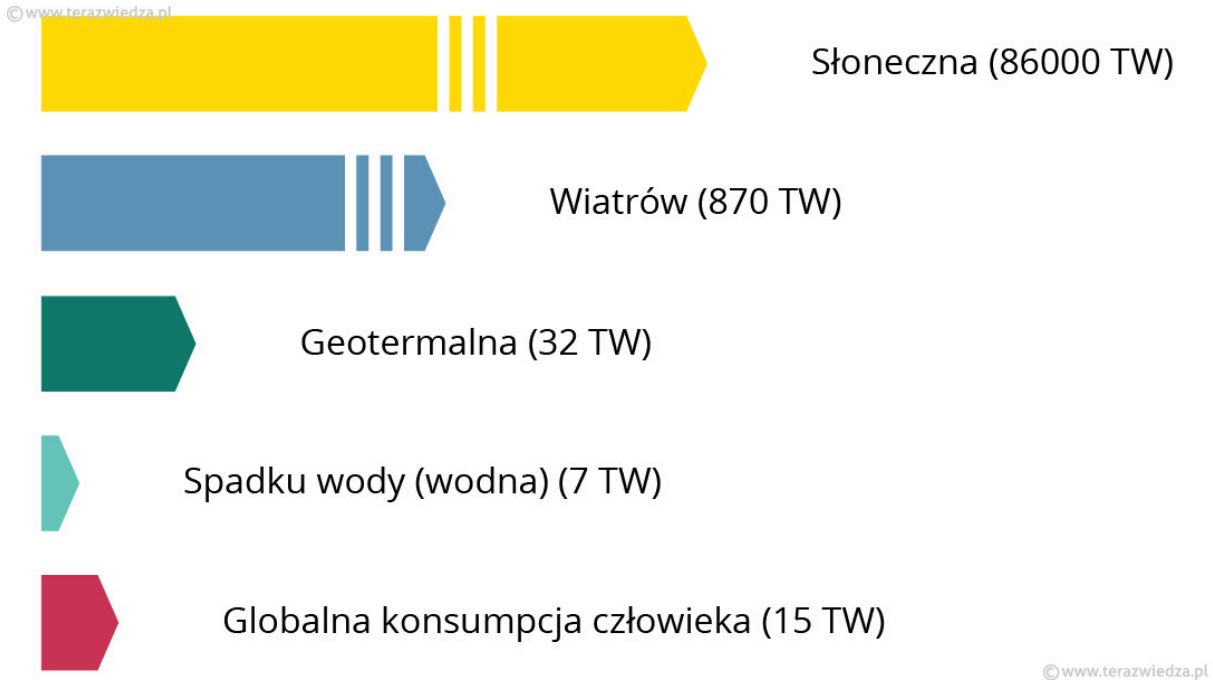
Wniosek: Przemysł i rolnictwo są obecnie odpowiedzialne za większość niekorzystnych zmian i zniszczeń w naturalnych siedliskach.

Ważne! Duże zamieszanie wywołał nominowany do Oscara film dokumentalny Gasland. Polskie Ministerstwo Ochrony Środowiska stwierdziło jednak, że film ten jest „manipulacją, mającą wzbudzić strach przed rozwojem nowego przemysłu". **Link**

ENERGETYKA KONWENCJONALNA I JĄDROWA

W Chinach, w Europie Wschodniej i w Polsce wielkie elektrociepłownie spalają węgiel, uwalniając do atmosfery ogromne ilości **dwutlenku węgla**, **dwutlenku siarki**, **sadzy** i **pyłów**. Skala zanieczyszczeń często jest tak wielka, że powstają już obszary niemal całkowicie pozbawione życia. Ustalono więc limity emisji CO_2 i podniesiono wymagania względem instalacji odsiarczania spalin. Zwrócono też uwagę na odnawialne źródła energii: siłę spadku wody (hydroelektrownie, także tzw. pływowe), energię

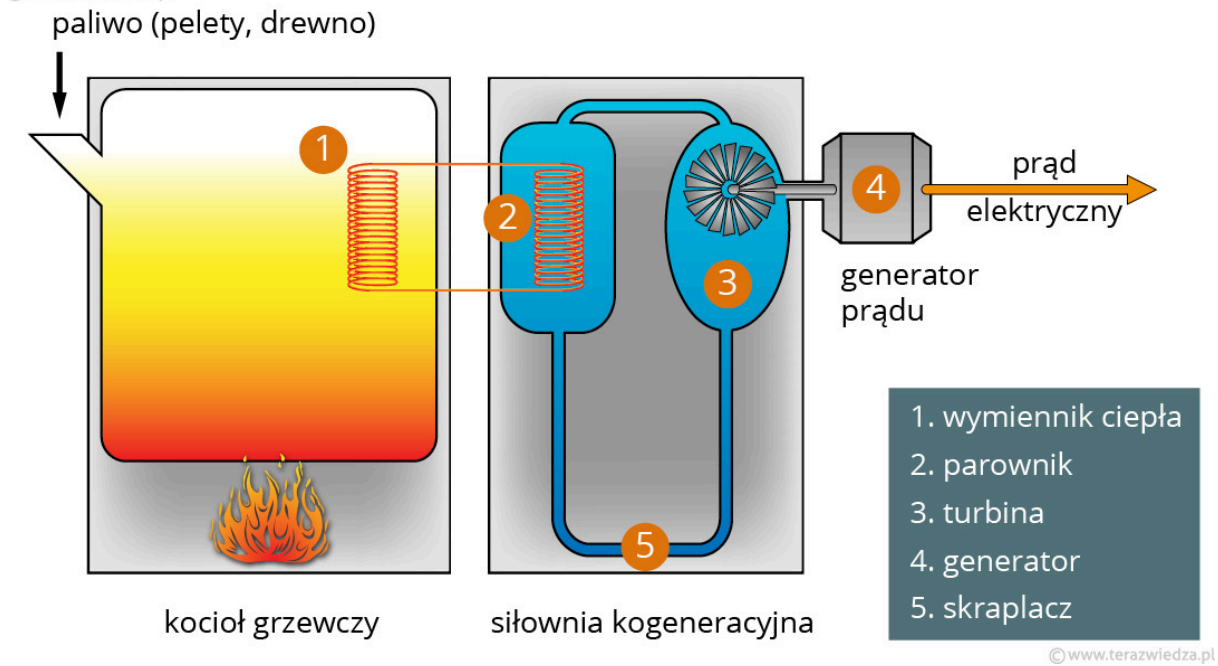
słoneczną (ogniwa fotowoltaiczne), energię wiatru (turbiny wiatrowe) oraz biogaz. Nowe technologie są kosztowne i nie pozostają obojętne dla środowiska naturalnego. Jednak przy obecnym zapotrzebowaniu na energię, wydają się one niezbędne.



Olbrzymie emocje, także w polskim społeczeństwie, budzi energetyka jądrowa. Z jednej strony takie elektrownie praktycznie nie emitują zanieczyszczeń, z drugiej pozostaje ryzyko awarii o nieodwracalnych skutkach (Fukushima, 2011) oraz olbrzymie koszty takich inwestycji. Wielu naukowców i ekonomistów postuluje inne rozwiązanie - maksymalne wykorzystanie energii odnawialnej (por. wyżej) oraz decentralizację systemów energetycznych (z tych opartych na wielkich zakładach energetycznych na liczne małe, rozproszone źródła energii).

Postulaty takie są ekonomicznie i technicznie uzasadnione. Świadczy o tym np. **mikrosiłownia kogeneracyjna** opracowywana w gdańskim Instytucie Maszyn Przepływowych PAN (IMP PAN). Jej schemat zamieściliśmy poniżej, natomiast film promujący m.in. tego rodzaju źródła prądu elektrycznego zobaczysz **tutaj**.

©www.terazwiedza.pl



Schemat mikrosiłowni kogeneracyjnej. W jej skład wchodzi specjalna mikroturbina zamontowana przy konwencjonalnym kotle grzewczym (opalanym biomasą; 1). Mikroturbinę (3) napędza czynnik, który po podgrzaniu w parowniku (2) zamienia się w parę. Urządzenie ma wytwarzać 2-3 kW prądu elektrycznego. Jeśli wynalazek się sprawdzi, wkrótce o piwnicach wielu domów będziemy mówili elektrociepłownia, a ich właściciele zapomną o wysokich rachunkach za prąd elektryczny.

URBANIZACJA

Na całej Ziemi powstają i rozwijają się wielkie miasta – obszary betonowych pustyń, w których żyje coraz więcej ludzi (wg prognoz w 2025 r. 63% ludności świata będą stanowić mieszkańcy miast). Na obszarach silnie **zurbanizowanych** powstają biocenozy obrazowo nazywane kadłubowymi - tworzą je nieliczne gatunki zdolne przetrwać w tak trudnych warunkach. W wielkich miastach problemem jest nie tylko dostarczanie żywności, wody i energii elektrycznej, ale także usuwanie zwykłych śmieci i ścieków komunalnych.

São Paulo to największe miasto Brazylii i jeden z największych zespołów miejskich na świecie. Liczba mieszkańców: około 11 mln (2009). Aglomeracja liczy prawdopodobnie ponad 21 mln

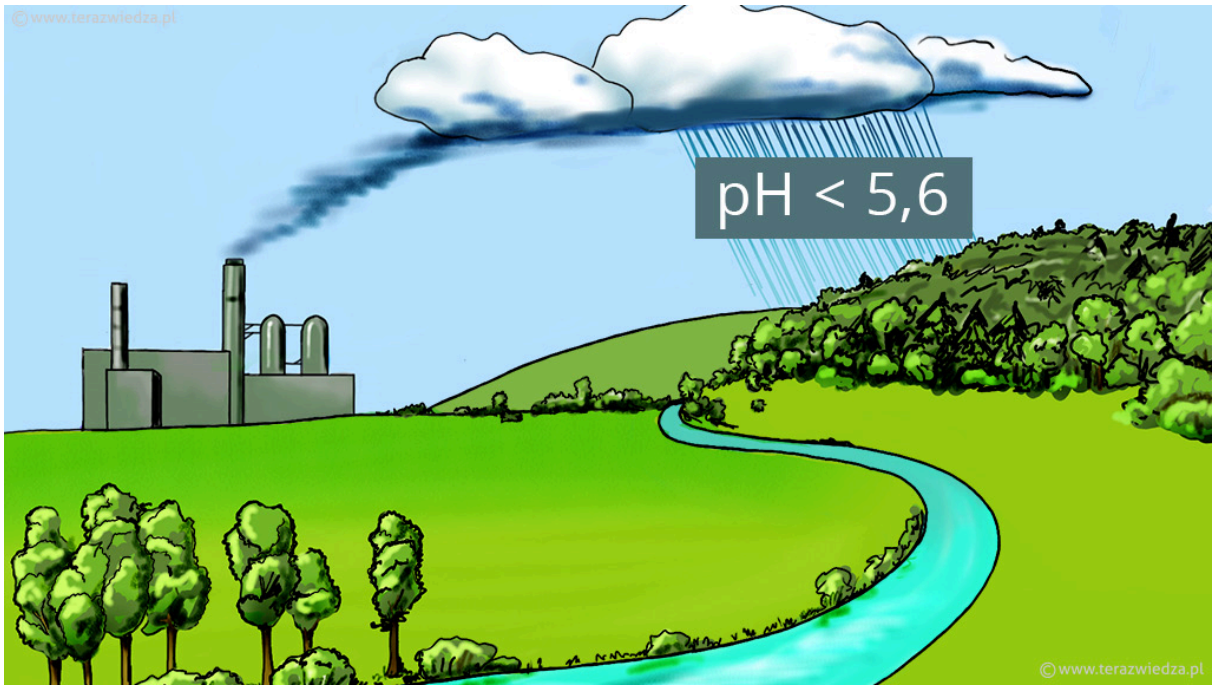
Stąd już wkrótce konieczne będzie stosowanie w miastach technologii bezodpadowych oraz pełny recykling wody i śmieci. Zmienią się też wymogi technologiczne dla budynków mieszkalnych (por. np. certyfikaty energetyczne budynków, które niedawno wprowadzono w Polsce). Zapewne niedługo w takich krajach, jak Polska normą staną się więc domy niskoenergetyczne, a nawet tzw. pasywne (zużycie energii jest w nich nawet 8-krotnie niższe niż w domach wznoszonych wg aktualnej normy).

12.2. Wybrane negatywne skutki globalne

Negatywnymi globalnymi skutkami uprzemysłowienia i urbanizacji są m.in.: zjawisko kwaśnych opadów, deforestacja oraz nasilanie się efektu cieplarnianego.

KWAŚNE OPADY

Przypomnijmy, że **kwaśne opady** (popularnie - kwaśne deszcze) powstają, gdy tlenki siarki (SOx), tlenki azotu (NOx), siarkowodór i chlorowodór znajdujące się w atmosferze reagują z parą wodną zawartą w powietrzu. Niskie pH powstających później opadów jest główną przyczyną obumierania lasów iglastych oraz śmierci licznych organizmów wodnych.



Kwaśne deszcze działają bezpośrednio (m.in. uszkadzają błonę komórkową) i pośrednio (np. zakwaszają podłoże)

DEFORESTACJA

Jednym z największych zagrożeń jest deforestacja (wylesianie). Zmniejszanie udziału terenów leśnych w ogólnej powierzchni danego obszaru następuje na skutek nadmiernej antropopresji (m.in. intensywnego wykorzystania gospodarczego lasów, rosnącego popytu na egzotyczne drewno, karczowania i wypalania pod uprawę roli, hodowli bydła itp.). Lasy, które od milionów lat pełniły funkcję „płuc Ziemi" i stabilizowały klimat, dziś przegrywają z zachłannością człowieka. Ostatni raport WWF na ten temat zwraca szczególną uwagę na potrzebę zachowania naturalnych lasów nie tylko w strefie tropikalnej, ale także umiarkowanej i borealnej.

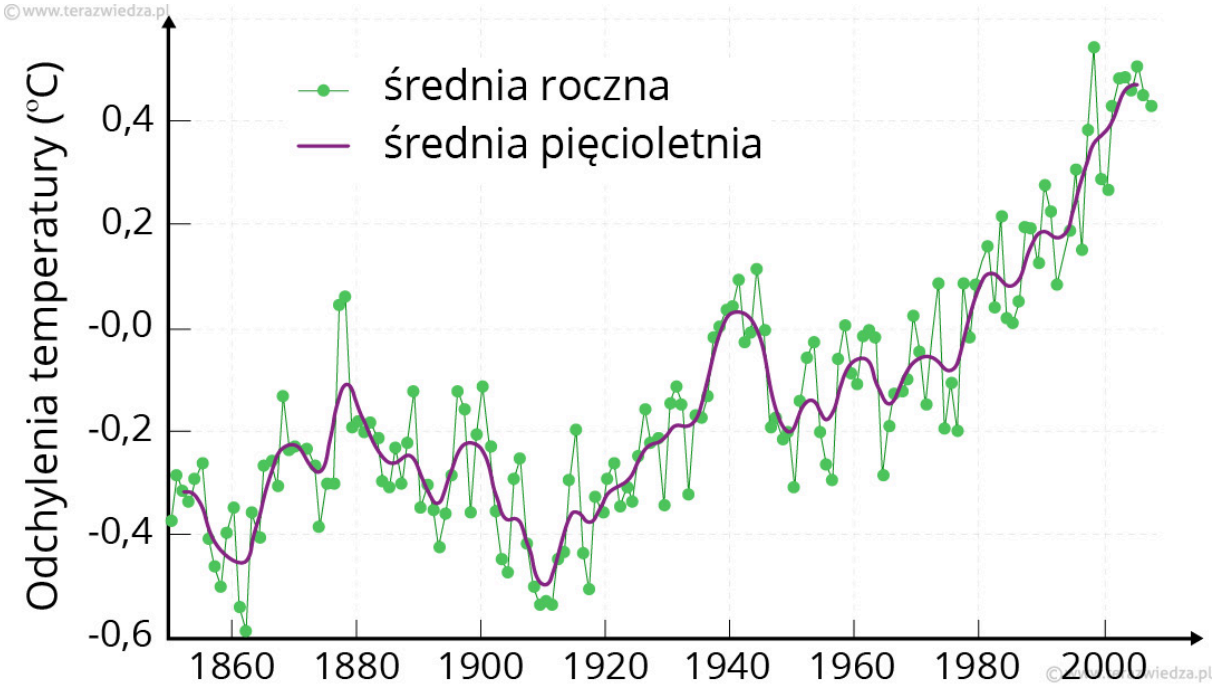
Deforestacja - model poglądowy

GLOBALNE OCIEPLENIE

Szczególnie duży niepokój wzbudza **globalne ocieplenie**, czyli szybki wzrost temperatury na Ziemi (w ciągu ostatnich 100 lat o ok. 0,75°C). Jest ono skutkiem narastania efektu cieplarnianego. Jak wiesz, efekt cieplarniany zależy od składu atmosfery - ulega nasileniu, gdy zwiększa się zawartość takich gazów, jak para wodna, dwutlenek węgla i metan. Powszechnie uważa się, że notowany ostatnio wzrost temperatury na Ziemi jest spowodowany działaniami człowieka (przede wszystkim emisją CO_2 i sadzy).

Smog – jeden ze skutków emisji sadzy lub spalin obecny jest w wielu miastach

Jeśli zmiany klimatu będą dalej postępowały, zaniknie między innymi wiele ekosystemów nadmorskich wraz z zamieszkującymi je gatunkami (na skutek podniesienia poziomu oceanów). O skali zagrożenia wynikającego z podniesienia się poziomu oceanów możesz przeczytać **tutaj**.



Globalne zmiany temperatury na Ziemi (źródło: Dobrzejest/Wikipedia)

Ważne! Istnieje tu wiele sprzeczności. Modele matematyczne i symulacje różnią się w „ocenie" tempa procesu, możliwych skutków i ich skali. Na przykład z najnowszych symulacji przeprowadzonych w Yale Climate and Energy Institute wynika, że skutkiem globalnego ocieplenia i innych zmian na Ziemi w 2050 r. może być wymarcie 15-37% wszystkich gatunków (w badaniach uwzględniono skomplikowane sieci zależności międzygatunkowych).

12.3. Podsumowanie

<table>
<tr><th>Działania człowieka</th><th>Skutki</th><th>Przeciwdziałania</th></tr>
<tr><td>I. Polowania, łowiectwo, rybołówstwo</td><td>• spadek liczebności populacji
• utrata zdolności reprodukcyjnych
• ekstyncja</td><td>• reintrodukcja gatunków
• limity połowowe i okresy ochronne</td></tr>
<tr><td>II. Intensyfikacja produkcji rolnej i leśnej (uprawy wielkoobszarowe, mechanizacja, chemizacja, melioracje, nawożenie)</td><td>• zanik zadrzewień śródpolnych, miedz, oczek wodnych oraz niektórych chwastów
• skażenie środowiska
• zaburzenia retencji wodnej</td><td>• rolnictwo tzw. ekologiczne
• uprawy hydroponiczne
• biotechnologia
• rekultywacja</td></tr>
<tr><td>III. Rozwój energetyki (tradycyjnej i jądrowej)</td><td rowspan="3">• fragmentacja środowisk (ekosystemów)
• zanikanie siedlisk
• przeobrażenia krajobrazów
• tworzenie barier architektonicznych
• emisja zanieczyszczeń gazowych, odpady, ścieki, hałas
• zmiany klimatyczne</td><td rowspan="3">• odnawialne źródła energii
• urządzenia/technologie energooszczędne
• zamknięte obiegi produkcyjne
• oczyszczalnie ścieków
• recykling odpadów
• edukacja</td></tr>
<tr><td>IV. Urbanizacja - komunikacja</td></tr>
<tr><td>V. Industrializacja (uprzemysłowienie)</td></tr>
</table>

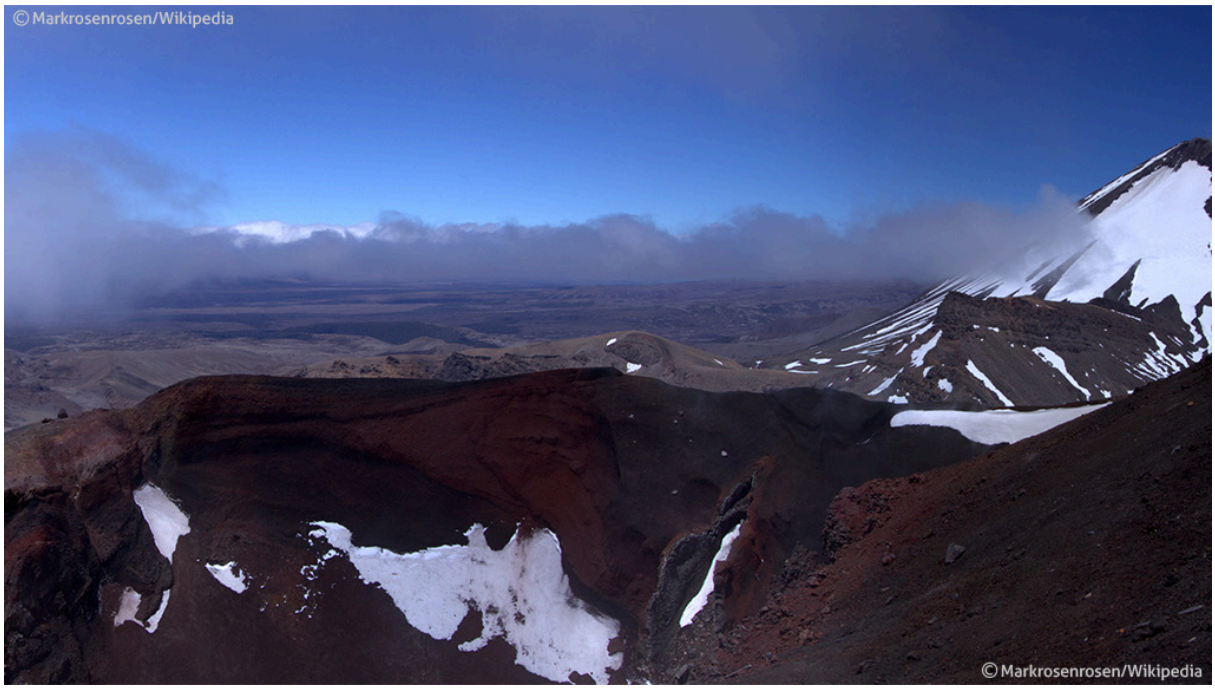
12.4. Polecenia kontrolne

Polecenia kontrolne w postaci pliku pdf możesz pobrać z naszej strony tutaj (wymagane połączenie z internetem).

13. Koncepcje i formy ochrony przyrody

Udokumentowane działania zmierzające do uchronienia elementów przyrody przed niszczącym wpływem człowieka podjęto już około 3000 lat temu w Chinach. Wydano wówczas zakaz wycinania lasów na południu imperium (drewno było surowcem strategicznym). W Europie pierwsze pojedyncze gatunki objęto ochroną kilkaset lat temu. Były to działania podyktowane interesami ekonomicznymi władców, na przykład Bolesław Chrobry zakazał polowań na bobry, Władysław Jagiełło starał się powstrzymać wycinanie cisów oraz polowania na łosie i jelenie. W kantonach dzisiejszej Szwajcarii w XIII w. próbowano chronić ptaki tępiące szkodniki upraw. Z kolei w Danii w XVII w. zakazano wycinania lasów.

Działania dla dobra powszechnego podjęto dopiero w połowie XIX w. Wówczas stało się jasne, że w przyrodzie zachodzą niepokojące zmiany związane z szybkim rozwojem przemysłu. Jednym z pierwszych na świecie aktów prawnych, chroniących organizmy żyjące na określonym obszarze, była **ustawa Sejmu Galicyjskiego** z 1868 r. Ochroną objęto wówczas żyjące w Tatrach zwierzęta, między innymi kozice i świstaki. Cztery lata później utworzono w USA Park Narodowy Yellowstone. Wkrótce potem ochroną objęto setki kolejnych obiektów przyrodniczych.



Park Narodowy **Tongariro** (Nowa Zelandia) został utworzony już w 1886 r.

13.1. Nurty ochrony przyrody

W ochronie przyrody działania nastawione na zachowanie cennych obiektów stanowią **nurt tradycyjny** (zwany też konserwatorskim). Zakładano wówczas, że ochrona gatunkowa oraz wyłączenie wielu cennych obiektów przyrodniczych (pomników przyrody lub rezerwatów) spod bezpośredniego wpływu człowieka rozwiąże problemy związane z niszczeniem przyrody. Nacisk położono więc na zwiększanie liczby chronionych obiektów i ich powierzchni. Czas pokazał, że działania te, choć bardzo potrzebne, okazały się niewystarczające. Na przykład w Polsce od 1936 r. obowiązywał całkowity zakaz połowów jesiotra bałtyckiego, co jednak nie uchroniło go przed wyginięciem.

Niestety ochrona goryli (gatunkowa i w rezerwatach) jest mało skuteczna

Stało się oczywiste, że istnieje konieczność ścisłego powiązania ochrony przyrody z rozwojem gospodarczym. W ten sposób ukształtował się **współczesny**, całościowy **nurt ochrony przyrody**. Dzisiaj jego swoistym manifestem jest **koncepcja zrównoważonego rozwoju** (ekorozwoju). Zakłada ona, że dla ochrony całej biosfery realizacja celów społeczno-gospodarczych musi być przeprowadzana w zgodzie z celami środowiskowymi (uwzględniającymi ochronę przyrody). Nasza cywilizacja będzie mogła się dalej rozwijać jedynie wówczas, gdy będzie łączyć wszystkie te cele. W przeciwnym razie nie uda nam się zachować podstawowych ekosystemów i różnorodności biologicznej.

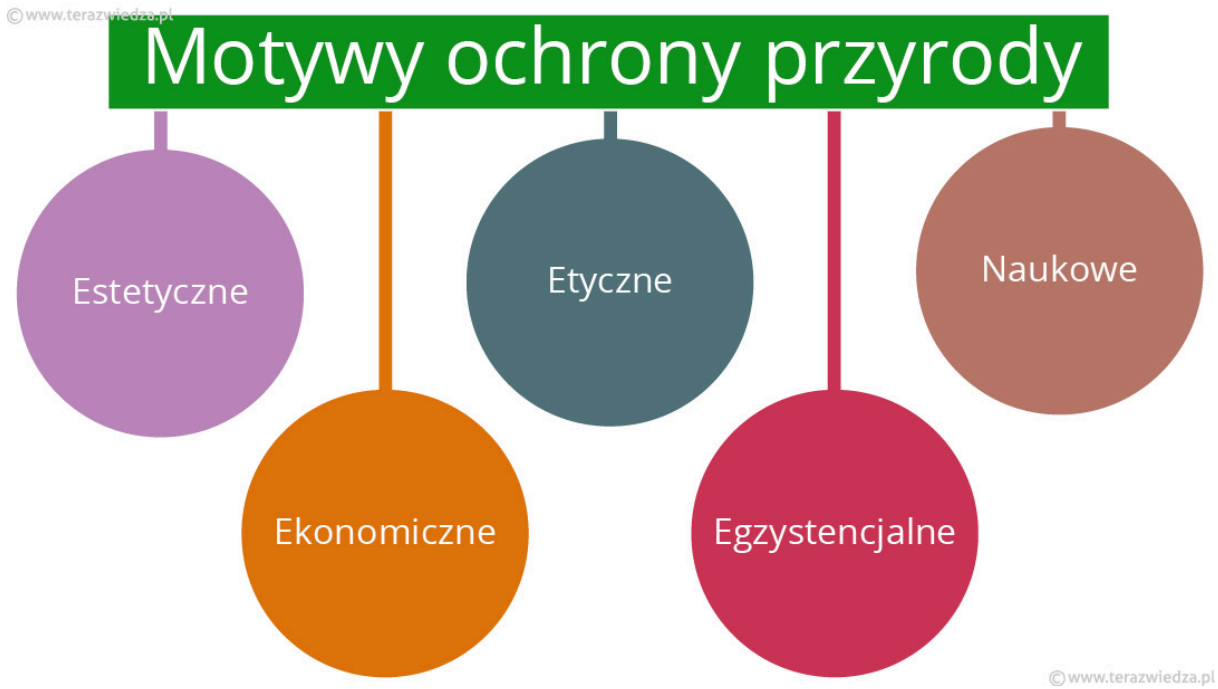
©www.terazwiedza.pl

Model koncepcji zrównoważonego rozwoju

13.2. Motywy ochrony przyrody

Od tysięcy lat w świadomości większości ludzi dominuje przekonanie, że z przyrodą trzeba walczyć, a siły natury ujarzmić. Zatem dlaczego chronimy przyrodę? **Motywy** są bardzo różne. Dla jednych ludzi przyroda

jest wartością samą w sobie, którą należy chronić. Motywy są więc tu etyczne. Wielu ludzi wierzy, że wszystkie istoty żywe są dziełem Boga, a zatem należy je chronić. W tym przypadku mówimy o motywach religijnych. Większość ludzi zauważa piękno obiektów przyrodniczych. Dla nich istotne są więc **motywy estetyczne**. Chęć zachowania przyrody może wynikać także z dostrzegania jej wartości poznawczych (**motywy naukowe**) albo wartości mierzonych za pomocą pieniędzy (**motywy ekonomiczne**).



Wybrane motywy ochrony przyrody

Jak widać, postawione wcześniej pytanie ma drugorzędne znaczenie. Ważne jest, aby zrozumieć, że różnorodność motywów ochrony przyrody dobitnie wskazuje, jak ważny jest to problem dla ludzi z różnych kręgów kulturowych. Bez względu na to, czy mówimy o opłacalności czy o pobudkach ideowych, zawsze zmierzamy do uświadomienia sobie, że człowiek i otaczająca go przyroda stanowią funkcjonalną jedność. Zniszczenie jednej części pociągnie za sobą unicestwienie drugiej.

Gaja czy Medea? Problem, jak globalnie podejść do biosfery widać wyraźnie w dwóch bardzo odmiennych hipotezach. Pierwsza - tzw. **hipoteza Gai** - zakłada, że to organizmy żywe korzystnie zmieniły i zmieniają fizyczne cechy Ziemi w sposób sprzyjający utrzymaniu życia.

Twórca tej hipotezy James Lovelock widzi w Ziemi superorganizm - „kochającą matkę Gaję, która pielęgnuje życie”. Konkurencyjna hipoteza stworzona przez Petera Warda odwołuje się do mitu Medei, matki-dzieciobójczyni. **Hipoteza Medei** zakłada, że życie samo z siebie zagraża własnej egzystencji, ponieważ organizmy eksploatują i stopniowo niszczą swoje środowisko. Zgodnie z hipotezą Medei Ziemia jest niejako „zaprogramowana” na zabijanie, gdy tylko życie rozszerzy się na niej nadmiernie.

Obie hipotezy efektownie nawiązują do mitologii (po lewej obraz pt. Gaja Anselma Feuerbacha, po prawej Medea wg Eugene’a Delacroix)

Zwolennicy Gai uważają, że należy maksymalnie ograniczyć wpływ człowieka na środowisko, inaczej życie ulegnie zagładzie. Postawę tę kontestują zwolennicy Medei. Wychodzą z założenia, że tylko aktywne działania człowieka mogą zapobiec nadchodzącej autodestrukcji biosfery. Naukowcy wykazują systemowe sprzeczności w definiowaniu Ziemi, jako istoty żywej, zdolnej do utrzymywania homeostazy (Gaja) lub jej zakłócania (Medea). Oba projekty pokazują jednak globalny sposób myślenia i skłaniają do refleksji nad rolą człowieka w przyrodzie.

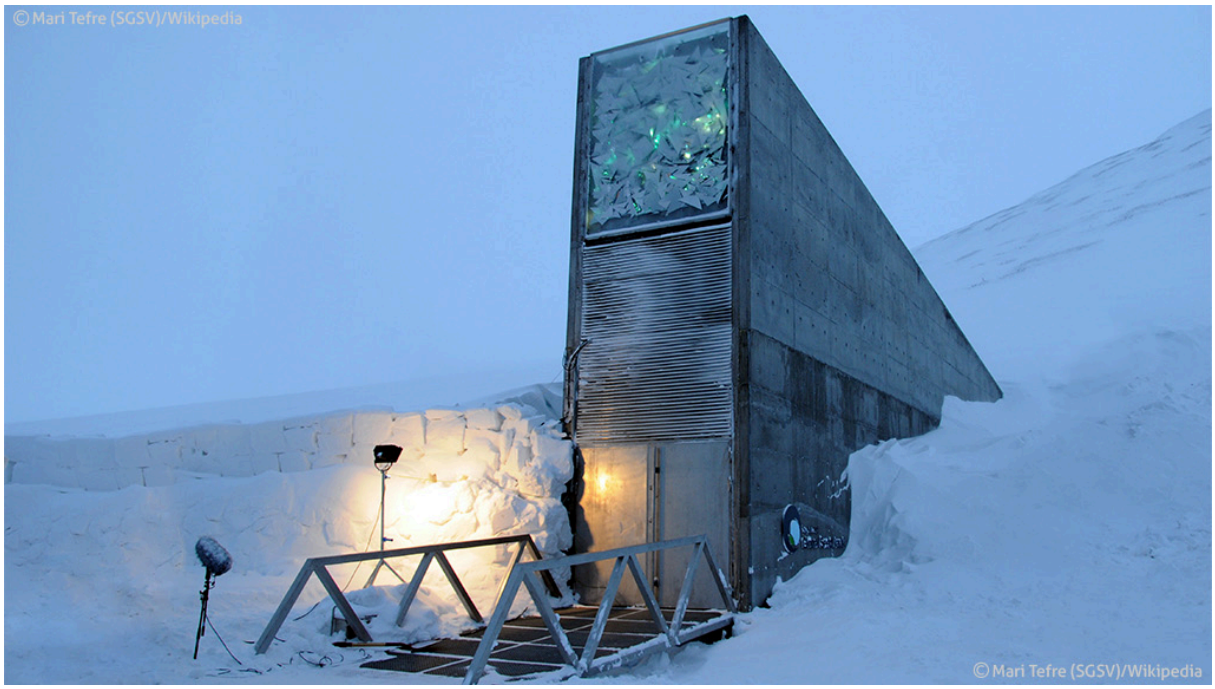
13.3. Formy ochrony przyrody

PODZIAŁ FORM OCHRONY PRZYRODY

Ze względu na charakter elementów przyrody wyróżnić można **ochronę indywidualną**, **gatunkową** i **obszarową**. Ze względu na sposób ochrony wyróżniamy **ochronę bierną** i **czynną**. Ta pierwsza wywodzi się wprost z nurtu tradycyjnego zakładającego wyłączenie części przyrody spod wpływu człowieka. W ramach ochrony czynnej człowiek ingeruje w przyrodę, ponieważ uznaje, że w ten sposób może skuteczniej chronić zagrożone gatunki lub ekosystemy. Przykładem takiej celowej ingerencji jest koszenie łąki, na której rosną rzadkie gatunki roślin naczyniowych (w przeciwnym razie wtórna sukcesja ekologiczna doprowadziłaby do powstania w tym miejscu lasu). Częścią ochrony czynnej jest też hodowla zagrożonych wymarciem gatunków zwierząt (w ogrodach zoologicznych) oraz roślin (w ogrodach botanicznych). Jakkolwiek prawo poszczególnych państw różni się, klasyfikacje i sposoby ochrony przyrody we wszystkich krajach są podobne (por. dalej). I co najważniejsze, wszędzie głównym celem jest utrzymanie różnorodności biologicznej i stabilności naturalnych ekosystemów. Najbardziej zależy nam na ochronie obiektów przyrodniczych in situ, czyli w miejscu ich naturalnego występowania. Czasem jest to niemożliwe, np. endemiczna warzucha polska wymarła w miejscu naturalnego występowania (okolice Pustyni Błędowskiej), ale została zachowana w ogrodach botanicznych i na stanowiskach zastępczych. Wówczas mówimy o ochronie *ex situ* (poza stanowiskami naturalnymi).

Koń Przewalskiego uznany został za gatunek wymarły na wolności. Obecnie jest reintrodukowany

Ważne! Zabezpieczeniem gatunków i ich różnorodności genetycznej są także specjalne banki nasion.



Wejście do Globalnego Banku Nasion na Svalbardzie (norw. Svalbard globale frøhvelv) [link]

OCHRONA INDYWIDUALNA

Ochroną indywidualną obejmuje się **pomniki przyrody** - niewielkie obiekty przyrody ożywionej i nieożywionej szczególnie cenne ze względów naukowych, zabytkowych, kulturowych i innych. Pomnikami przyrody najczęściej są stare drzewa, aleje i głazy narzutowe. W niektórych krajach tym rodzajem ochrony indywidualnej obejmuje się także małe, cenne fragmenty ekosystemów, np. konkretne siedliska.

Drzewo - pomnik przyrody (Niemcy)

OCHRONA GATUNKOWA

Ochrona gatunkowa obejmuje rzadkie lub zagrożone wyginięciem rośliny, grzyby (w tym porosty) i zwierzęta. Celem nadrzędnym jest tu zachowanie różnorodności gatunkowej, a także genetycznej. Ochrona gatunkowa może być **ścisła** lub **częściowa**. Ta ostatnia dopuszcza możliwość pozyskiwania części osobników. Przykładem są pozwolenia na ręczny zbiór niektórych roślin leczniczych, np. porzeczki czarnej w Polsce. W pewnych przypadkach wokół stanowisk gatunków wyznacza się strefy ochrony, np. chroniące gniazda rzadkich ptaków drapieżnych, czy miejsca występowania storczyków. Uzupełnieniem ochrony gatunkowej zwierząt może być lokalne prawo łowieckie.

OCHRONA OBSZAROWA

Systemy **obszarów chronionych** mają przede wszystkim służyć zachowaniu terenów cennych pod względem przyrodniczym. Na obszarach chronionych realizowane są wszystkie formy ochrony przyrody. Ochronę obszarową zapewniają parki narodowe, rezerwaty, obszary chronionego krajobrazu i obszary chronione o użytkowanych zasobach.

Kategoria	Nazwa	Cele ochrony	Rygory ochronne
Ia	ścisłe rezerwaty przyrody	badawczo-naukowe	wysoki poziom
Ib	obszar dzikiej przyrody	ochrona naturalnych ekosystemów	wysoki poziom
II	park narodowy	ochrona ekosystemów i częściowa rekreacja	wysoki poziom
III	pomnik przyrody	ochrona cennych obiektów przyrody i kultury	umiarkowany
IV	obszar ochrony siedliskowej i gatunkowej	czynna ochrona siedlisk i gatunków	umiarkowany
V	obszar chronionego krajobrazu	ochrona krajobrazu i rekreacja	umiarkowany
VI	obszar chroniony o użytkowanych zasobach	zrównoważone użytkowanie ekosystemów	niski poziom

Klasyfikacja form ochrony przyrody wg IUCN (uwaga: jeden obiekt może należeć do kilku kategorii!)

Zgodnie z kryteriami Międzynarodowej Unii Ochrony Przyrody (IUCN) **parki narodowe** tworzy się na terenach o szczególnej wartości przyrodniczej (z najcenniejszymi ekosystemami). Parki narodowe obejmują stosunkowo duże obszary i każdy z nich ma własną administrację. W parkach narodowych działalność gospodarcza człowieka ograniczona jest do minimum. Tym niemniej część każdego parku narodowego musi być dostępna dla zwiedzających.

Smreczyński Staw jest polodowcowym jeziorem morenowym. Znajduje się na obszarze ochrony ścisłej „Pyszna, Tomanowa, Pisana” w polskich Tatrach Zachodnich (Tatrzański PN, Polska)

Wokół parków narodowych wyznaczane są **otuliny** – strefy, które mają chronić parki przed tzw. presją antropogeniczną (np. zanieczyszczeniami). Tam też powinien się koncentrować ruch turystyczny.

Park Narodowy Hustai w Mongolii (Hustai National Park) – park powstał przede wszystkim jako obszar chroniony, w którym przeprowadzany jest program reintrodukcji koni Przewalskiego (w lokalnym języku – Tahki). W 2002 r. Park został włączony do sieci MaB (por. rozdz. 15.2). Jest zarządzany przez pozarządową organizację Hustai National Park Trust, która zajmuje się także promocją ekoturystki, edukacją i badaniami naukowymi prowadzonymi na obszarze parku

Rezerwat jest wydzielonym obszarem zachowanym w stanie naturalnym lub mało zmienionym, który wyróżnia się szczególnymi wartościami przyrodniczymi, naukowymi, kulturowymi lub walorami krajobrazowymi. W niektórych krajach rezerwaty dzieli się na ścisłe (kategoria Ia wg IUCN*) i częściowe (kategoria Ib wg IUCN**). W rezerwatach ścisłych ochrona polega na całkowitym wykluczeniu wpływu człowieka. Takie obszary chronione tworzone są wyłącznie w celach naukowych i dydaktycznych. W rezerwatach częściowych – ingerencja człowieka jest dopuszczona pod pewnymi warunkami (np. gospodarka leśna zgodna z planami ochrony).

*W klasyfikacji IUCN kategoria Ia (ang. strict nature preserves) obejmuje tereny chronione, gdzie obowiązuje całkowity zakaz prowadzenia działalności innej niż naukowa. Kategoria ta najpełniej odpowiada polskiej definicji rezerwatu ścisłego.

**W klasyfikacji IUCN kategoria Ib (ang. wilderness area) obejmuje tereny chronione, gdzie obowiązuje zakaz używania samochodów i prowadzenia działalności innej niż naukowa i turystyczna. Nazywanie takiego obiektu rezerwatem częściowym jest pewnym uproszczeniem wynikającym z chęci przedstawienia polskiej klasyfikacji na tle klasyfikacji międzynarodowej.

Rezerwat Ngorongoro w Tanzanii (Ngorongoro Conservation Area) – obszar chroniony, od 1979 roku wpisany na Listę Światowego Dziedzictwa UNESCO, znajduje się we wschodniej Tanzanii. Centralnym punktem tego obszaru jest olbrzymi krater o głębokości 610 m i powierzchni 260 km^2, zamieszkiwany przez różne gatunki zwierząt, szczególnie przez słynną „Wielką Piątkę" afrykańską, czyli nosorożce, lwy, lamparty, bawoły i słonie

W parkach narodowych i rezerwatach obowiązują ścisłe rygory ochronne. Celem jest zachowanie całego spektrum różnorodności biologicznej, ze szczególnym uwzględnieniem ekosystemowej. Rygory ochronne na obszarach, których podstawowym zadaniem jest ochrona krajobrazów cennych pod względem przyrodniczym lub kulturowym są mniejsze (kategorie V i VI wg IUCN). Jedną z funkcji takich obiektów jest zapewnienie rekreacji.

Park Narodowy Hardangervidda w Norwegii (Hardangervidda National Park) – największy park narodowy w Norwegii, znajduje się na płaskowyżu Hardanger, średnia wysokość wynosi 1100 m n.p.m. Jest to obszar powyżej linii drzew (ich górnego zasięgu), cechujący się klimatem alpejskim. Park ten jest bardzo popularnym miejscem rekreacyjnym z dobrze rozbudowaną infrastrukturą turystyczną

13.4. Podsumowanie

Motywy ochrony przyrody

- religijne - wynikające z wierzeń religijnych i przekonania, że istoty żywe swtorzył Bóg
- etyczne - wynikające z przekonania, że przyroda jest wartością samą w sobie
- estetyczne - wynikające z konieczności ochrony piękna przyrody
- naukowe - wynikające ze świadomości wartości poznawczych przyrody
- ekonomiczne - dostrzeganie korzyści gospodarczych zasobów przyrody

Nurty ochrony przyrody

I. Konserwatorski (tradycyjny) - ochrona pojedynczych tworów przyrody

(np. pomników przyrody), tworzenie obszarów chronionych (np. rezerwatów przyrody i biosfery, parków narodowych, obszarów chronionego krajobrazu)

II. Współczesny (całościowy) - ochrona biosfery połączona z rozwojem społeczno-gospodarczym uwzględniającym cele ochrony przyrody i środowiska (idea zrównoważongo rozwoju)

Hipoteza Gai - wszystkie organizmy przyczynają się do rozwoju i trwania życia na Ziemi.

Hipoteza Medei - organizmy żywe doprowadzą do destrukcji życia na Ziemi.

Formy ochrony przyrody:

wg miejsca ochrony:

- ochrona *in situ*, tj. w nauralnym środowisku życia
- ochrona *ex situ*, tj. poza miejscem występowania (np. w ogrodach botanicznych).

wg rodzaju działań:

- bierna - poprzez ograniczanie eksploatacji
- czynna - poprzez działania człowieka służące zachowaniu lub przywróceniu równowagi.

wg reżimu ochrony:

- całkowita (ścisła), bez ingerencji człowieka
- częściowa, tj. z możliwością kontrolowanej eksploatacji przyrody.

13.5. Polecenia kontrolne

Polecenia kontrolne w postaci pliku pdf możesz pobrać z naszej strony tutaj (wymagane połączenie z internetem).

14. Ochrona przyrody w Polsce

PODSTAWY PRAWNE

W Polsce podstawowym aktem prawnym normującym zasady ochrony przyrody jest **ustawa o ochronie przyrody** z 2004 r. Aktualną listę wszystkich roślin, grzybów i zwierząt objętych ochroną w Polsce zawiera odpowiednie rozporządzenie ministra środowiska. Obecnie znajduje się na niej prawie 900 gatunków. Ujednolicony tekst Ustawy znajdziesz **tutaj**. Współczesne polskie prawodawstwo dotyczące zasad ochrony przyrody jest podobne, jak w innych państwach europejskich. Zmiany, które w nim zachodzą, polegają na dostosowaniu naszych regulacji do prawa międzynarodowego, przede wszystkim jednak modernizacja obejmuje stanowienie prawa w obszarach, które mają pośredni wpływ na stan środowiska naturalnego. Przykładem jest projekt ustawy o Odnawialnych Źródłach Energii, dający nowe możliwości niewielkim producentom energii elektrycznej z tzw. mikroinstalacji, które wykorzystują odnawialne źródła energii. Jeśli ustawa wejdzie w życie, może dać szansę m.in. na zmniejszenie strat przesyłowych energii, a co za tym idzie na zmniejszenie zużycia paliw kopalnych.

Pomnik Władysława Szafera - wybitnego polskiego botanika, współtwórcy wielu naszych

parków narodowych i inicjatora restytucji żubra w Puszczy Białowieskiej

14.1. Ochrona indywidulana

W naszym prawie ochroną indywidualną objęte są: pomniki przyrody, użytki ekologiczne i stanowiska dokumentacyjne.

POMNIKI PRZYRODY

Prawdopodobnie najbardziej znanym **pomnikiem przyrody** w Polsce jest dąb „Bartek", rosnący koło Zagnańska. W całej Polsce ochroną pomnikową objętych jest ponad 30 tys. obiektów.

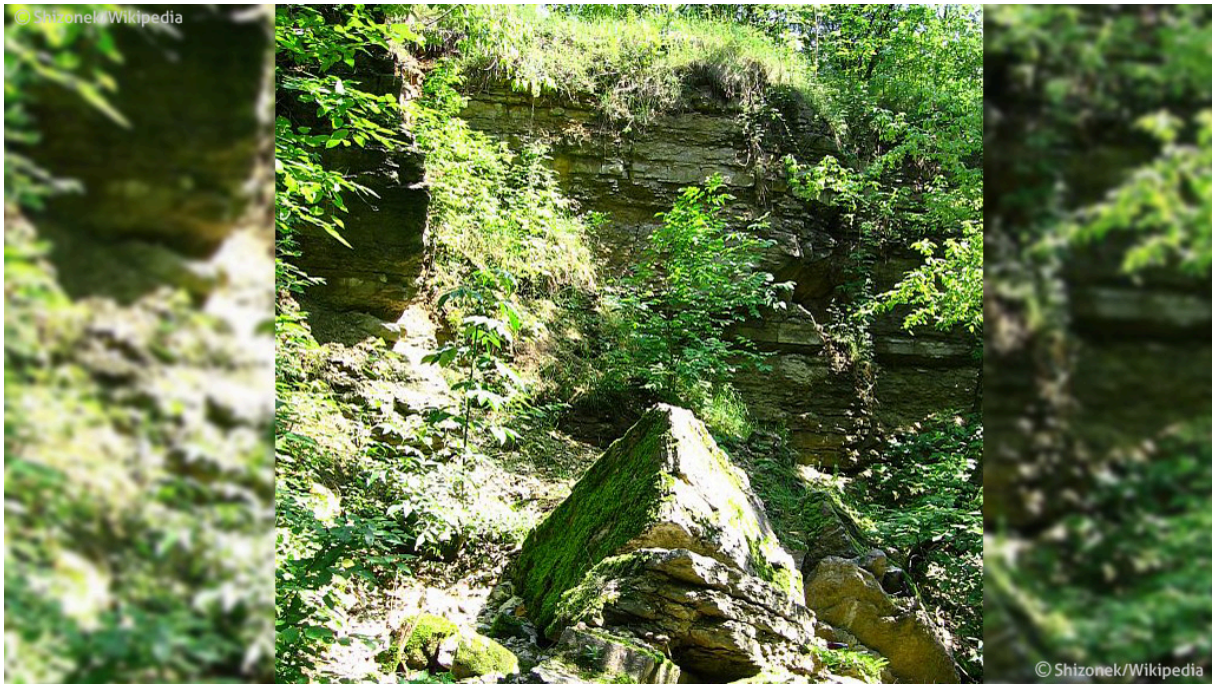
Mierzący obecnie ok. 30 m wysokości **Bartek** jest jednym z najokazalszych drzew w Polsce. Prawdopodobnie ma 650 lat. Niestety jego pień wciąż próchnieje i grubość zdrowej tkanki nie przekracza już 10-20 cm

UŻYTKI EKOLOGICZNE I STANOWISKA DOKUMENTACYJNE

Użytkami ekologicznymi są obiekty o małej powierzchni, np. śródpolne i śródleśne oczka wodne, kępy drzew, starorzecza i stanowiska gatunków rzadkich lub chronionych, ich ostoje oraz miejsca rozmnażania się. Co prawda użytki ekologiczne stanowią jedynie pozostałości ekosystemów, ale mają znaczenie dla zachowania różnorodności biologicznej. Obecnie w Polsce znajduje się ok. 6700 użytków ekologicznych o łącznej powierzchni prawie 45 tys. ha.

Użytek ekologiczny „Zielona Ostoja” w Bydgoszczy

Stanowiskami dokumentacyjnymi są m.in. małe, ale ważne pod względem naukowym i dydaktycznym, miejsca występowania formacji geologicznych, jaskinie oraz fragmenty różnych wyrobisk powierzchniowych i podziemnych. Obecnie w Polsce jest ok. 160 takich obiektów o łącznej powierzchni 900 ha.



Stanowisko dokumentacyjne Srocza Góra w Dąbrowie Górniczej. Na długości 300 m zostały tam odsłonięte osady wapieni muszlowych z triasu (sprzed 200 mln lat). Przez stanowisko prowadzi ścieżka dydaktyczna. Na Sroczej Górze rośnie też rzadki, podlegający ścisłej ochronie dziewięćsił bezłodygowy

14.2. Ochrona obszarowa

Krajowy **system obszarów chronionych** ma przede wszystkim służyć zachowaniu terenów najcenniejszych pod względem przyrodniczym. Formami ochrony obszarowej są parki narodowe, rezerwaty, parki krajobrazowe i obszary chronionego krajobrazu.

POLSKIE PARKI NARODOWE I REZERWATY

Zgodnie z zapisem Ustawy o Ochronie Przyrody w Polsce **park narodowy** jest obszarem wyróżniającym się szczególnymi wartościami przyrodniczymi, naukowymi, społecznymi, kulturowymi i edukacyjnymi, o powierzchni nie mniejszej niż 1000 ha, na którym ochronie podlega cała przyroda oraz walory krajobrazowe. Podstawą do utworzenia parku narodowego jest rozporządzenie Rady Ministrów. Parki mają własną administrację niezależną od samorządowej, która realizuje specjalnie opracowane plany ochrony. Administracją parku kieruje dyrektor parku narodowego. Każdy park narodowy ma strefy o zróżnicowanym poziomie ochrony: strefę ochrony ścisłej (wspomniane już obszary ochrony ścisłej), strefę ochrony częściowej i strefę ochrony krajobrazu. Dodatkowo wokół każdego parku wyznacza się otulinę. Obecnie mamy 23 parki narodowe, których łączna powierzchnia nieznacznie przekracza 1% powierzchni kraju.

Maczuga Herkulesa - charakterystyczny element krajobrazu Doliny Prądnika i „symbol" Ojcowskiego PN

Poniżej zamieściliśmy krótkie charakterystyki polskich parków narodowych i linki do ich stron internetowych.

Babiogórski PN 1954 rezerwat biosfery UNESCO

Charakterystyka:

Babiogórski PN został utworzony na obszarze Beskidów Zachodnich, obejmując przede wszystkim odosobniony masyw górski – Babią Górę. Unikalne walory przyrodnicze Parku, tj. zachowana strefowość

wysokogórska (aczkolwiek obniżona o kilkaset metrów), wynikająca w dużej mierze ze specyficznej budowy geologicznej, sprawiły, że Park został uznany za rezerwat biosfery UNESCO.

W Parku występuje wiele endemicznych gatunków roślin i zwierząt.

Cel Parku: ochrona różnorodności przyrodniczej, walorów krajobrazowych Babiej Góry, odtworzenie obszarów (siedlisk) zniekształconych w wyniku działalności człowieka, edukacja ekologiczna.

Typy ochrony: ścisła, czynna, krajobrazowa, gatunkowa

Białowieski PN 1932 rezerwat biosfery UNESCO (obiekt wpisany na Listę Światowego Dziedzictwa Kulturalnego i Przyrodniczego)

Charakterystyka:

Białowieski Park Narodowy był pierwszym parkiem narodowym utworzonym w Polsce i jednym z pierwszych w Europie. Obejmuje ostatni w Europie fragment lasu o charakterze pierwotnym, który stał się ostoją dla zagrożonego żubra. W 1979 r. został wpisany na listę światowego dziedzictwa UNESCO. Jeden z siedmiu na świecie i trzech w Europie transgranicznych obiektów dziedzictwa światowego, który tworzy wraz z białoruską częścią puszczy.

Cel Parku: ochrona różnorodności biologicznej, zachowanie stabilności ekosystemów, ochrona gatunków roślin, zwierząt i grzybów wraz z ich siedliskami, dążenie do zachowania ciągłości tych gatunków, rekonstruowanie siedlisk przyrodniczych zniekształconych przez działalność człowieka, edukacja ekologiczna, promocja w zakresie ochrony

przyrody.

Typy ochrony: ścisła, czynna, krajobrazowa

©www.terazwiedza.pl

Biebrzański PN 1993

Charakterystyka:

Biebrzański PN jest największym parkiem narodowym w Polsce oraz jednym z większych w Europie. Swoim obszarem obejmuje dolinę Biebrzy od jej źródeł, aż do ujścia do Narwi. Charakterystycznym elementem krajobrazu Parku są rozległe torfowiska - słynne Bagna Biebrzańskie, które stanowią ostoję dla ptaków wodno-błotnych. Z tego też powodu dolina Biebrzy została wpisana na listę siedlisk konwencji RAMSAR (por. 15.2).

Cel Parku: ochrona unikalnych na skalę europejską, zagrożonych siedlisk bagienno-torfowych, wraz z rzadkimi i zagrożonymi wyginięciem ekosystemami roślinnymi i gatunkami zwierząt. Ochrona walorów krajobrazowych, a także biotopów ważnych dla ochrony awifauny, edukacja ekologiczna.

Typy ochrony: ścisła, czynna, krajobrazowa

Bieszczadzki PN 1973 rezerwat biosfery UNESCO

Bieszczadzki Park Narodowy jest trzecim największym parkiem narodowym w Polsce i jedynym, który chroni środowisko Karpat Wschodnich wraz z występującymi tam gatunkami endemicznymi.

Puszcze Bieszczadzkiego PN obfitują w wiele populacji ssaków oraz ptaków, szczególnie drapieżnych. Osobliwością jest piętro połonin, w którym występuje charakterystyczna tylko dla Karpat Wschodnich roślinność oraz rzadkie gatunki wysokogórskich zwierząt bezkręgowych. Ze względu na te walory przyrodnicze Bieszczadzki Park Narodowy wraz z otaczającymi go parkami krajobrazowymi wszedł w skład Bieszczadzkiego Międzynarodowego Rezerwatu Biosfery „Karpaty Wschodnie".

Cel Parku: ochrona dużych zwierząt zamieszkujących puszcze wschodniokarpackie, edukacja ekologiczna zarówno turystów, jak i społeczności lokalnej – w ramach programu UNESCO „Człowiek i biosfera" (MaB), ochrona walorów przyrodniczych Karpat Wschodnich.

Typy ochrony: ścisła, czynna, krajobrazowa

© www.terazwiedza.pl

PN Bory Tucholskie 1996 (kaszb. Nôrodny Park Tëchòlscze Bòrë) rezerwat biosfery UNESCO

Charakterystyka:

Charakterystycznymi elementami krajobrazu PN Bory Tucholskie są równiny sandrowe, wytopiska oraz rynny (przykład jezioro Charzykowskie) powstałe podczas ostatniego zlodowacenia. Osobliwością Parku są wydmy śródlądowe. Na terenie Parku znajduje się wiele jezior.

Cel Parku: zachowanie i ochrona unikalności krajobrazu sandrowo-pojeziernego, szczególnie jezior.

Typy ochrony: ścisła, czynna

© www.terazwiedza.pl

Drawieński PN 1990

Charakterystyka:

Ponad 80% powierzchni Parku zajmują lasy bukowe i dębowo-bukowe.

Park przecinają rzeki Drawa i Płociczna, znajdują się w nim także liczne jeziora wraz z unikalnym jeziorem Czarnym. Bieg rzeki Drawy, szczególnie jej przełom o charakterze górskim, uznawany jest za jeden z najpiękniejszych szlaków kajakowych.

Cel Parku: ochrona walorów przyrodniczych, ze szczególnym uwzględnieniem siedlisk gatunków roślin zagrożonych; ochrona fauny w celu zachowania jej dla przyszłych pokoleń, szczególnie gatunków już wpisanych do Czerwonej Księgi; ponowne zarybienie wód Puszcz, szczególnie introdukcja łososia, działalność edukacyjna.

Typy ochrony: ścisła, czynna, gatunkowa

Gorczański PN 1981

Charakterystyka:

Teren Parku obejmuje północno-wschodnią oraz środkową część Gorców. Szczyty są łagodne, pasmo przecinają spływające z gór potoki, tworząc wiele wodospadów. Charakterystyczną cechą są głębokie wąwozy, liczne źródła, oryginalne twory skalne (Białe Skały, Czubaty Groń) i jaskinie (Zbójnicka Jama).

Park należy do sieci Natura 2000 jako Obszar Specjalnej Ochrony Ptaków – „Gorce” – dzięki wielu rzadkim gatunkom ptaków występującym na jego terenie (m.in. głuszec, dzięcioł białogrzbiety).

Cel Parku: ochrona różnorodności przyrody, procesów przyrodniczych zachodzących na tym terenie.

Typy ochrony: ścisła, czynna, krajobrazowa

© www.terazwiedza.pl

PN Gór Stołowych 1993

Charakterystyka:

Obszar Parku obejmuje zbudowane z piaskowców Góry Stołowe. Ich unikalna forma jest wynikiem erozji, która wytworzyła sieć szczelin, labiryntów, blokowisk skalnych o najróżniejszych formach i głębokościach. Nadaje to Górom Stołowym charakterystyczny kształt.

Cel Parku: ochrona wspaniałej przyrody Gór Stołowych, szczególnie przywrócenie naturalnego drzewostanu, który uległ zniekształceniu poprzez działalność człowieka (m.in. usuwa się gatunki niepożądane, jak daglezję zieloną) oraz restytucja jodły.

Typy ochrony: ścisła, częściowa, krajobrazowa

Ciekawostka: Muzeum Żaby – poprzez bogatą kolekcję płazów ma przybliżać idee ochrony tych zwierząt.

© www.terazwiedza.pl

Kampinoski PN 1959 rezerwat biosfery UNESCO

Charakterystyka:

Kampinoski PN znajduje się w pradolinie Wisły. Najbardziej charakterystycznymi elementami krajobrazu Parku, poza puszczą, są najlepiej zachowane w skali europejskiej wydmy śródlądowe oraz tereny bagienne. Taka różnorodność krajobrazowa sprawia, że fauna i flora Parku jest bardzo zróżnicowana. Z uwagi na mnogość gatunków ptaków Parlament Europejski uznał obszar Parku za ostoję ptaków o randze europejskiej.

Cel Parku: ochrona wielu rzadkich gatunków zarówno roślin, jak i zwierząt, ochrona charakterystycznej mozaiki krajobrazu mazowieckiego, reintrodukcja wymarłych w tym miejscu gatunków (łoś, bóbr, ryś), utrzymywanie odpowiedniego poziomu wód, edukacja ekologiczna.

Typy ochrony: ścisła, czynna, częściowa, krajobrazowa

Karkonoski PN 1959 rezerwat biosfery UNESCO

Charakterystyka:

Przyrodnicze walory Karkonoszy, a więc ich budowa geologiczna, doskonale widoczne elementy rzeźby lodowcowej, świat roślinny i zwierzęcy, sprawiły, że już w 1933 roku utworzono na ich terenie pierwsze rezerwaty przyrody obejmujące kotły polodowcowe i wiele pomników przyrody, głównie malowniczych skałek.

Cel Parku: ochrona różnorodności ekosystemu Karkonoszy, zarówno przyrody ożywionej, jak i nieożywionej; dążenie do przywrócenia jak

najbardziej naturalnego stanu zasobów i składników przyrody oraz zrekonstruowanie siedlisk przyrodniczych zniekształconych przez działalność człowieka; promowanie zrównoważonego rozwoju ekonomicznego na poziomie lokalnym, popieranie badań naukowych oraz edukacji ekologicznej w celu skuteczniejszej ochrony przyrody.

Typy ochrony: ścisła, czynna, gatunkowa, krajobrazowa

Magurski PN 1995

Charakterystyka:

Magurski PN chroni przede wszystkim unikalny w skali Karpat obszar przejściowy między Karpatami Zachodnimi i Karpatami Wschodnimi.

Cel Parku: ochrona określonych typów siedlisk przyrodniczych oraz siedlisk istotnych dla chronienia poszczególnych gatunków roślin i zwierząt innych niż ptaki.

Typy ochrony: ścisła, czynna, krajobrazowa, gatunkowa

© www.terazwiedza.pl

Narwiański PN 1996

Charakterystyka:

Charakter rozlewiska rzeki Narwi jest unikatowy w skali świata. Ze względu na specyficzną sieć rozgałęziających się koryt i wysp powstających między nimi, Narew nazywana jest ‘polską Amazonią’. Doskonale zachowane biocenozy i biotopy sprawiły, że dolina Narwi stała się ostoją ptaków lęgowych w skali europejskiej oraz jednym z najważniejszych zbiorowisk ptaków wodno-błotnych w Polsce.

Cel Parku: ochrona unikatowego charakteru doliny Narwi, szczególnie bogatej fauny ptaków, a także ekosystemów lądowych, edukacja ekologiczna.

Typy ochrony: ścisła, czynna, krajobrazowa

© www.terazwiedza.pl

Ojcowski PN 1956

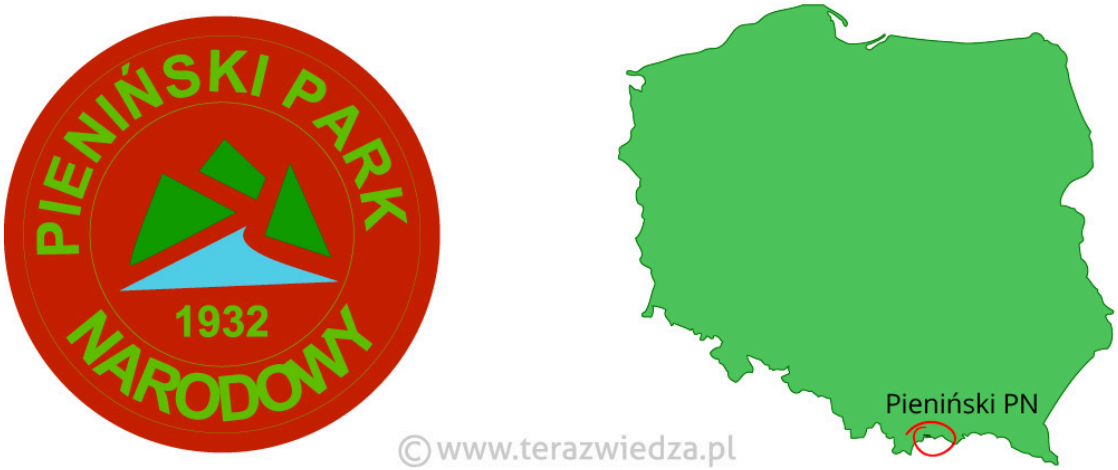
Charakterystyka:

Ojcowski PN jest najmniejszym parkiem narodowym w Polsce. Obejmuje Dolinę Prądnika (wyżyna Krakowsko-Częstochowska) oraz Dolinę Sąspowską. Charakterystyczne elementy rzeźby geologicznej na terenie Parku to przede wszystkim jaskinie, jary o głębokości dochodzącej nawet to 100 m, dolinki krasowe, wąwozy i ostańce. Z kolei terasy były idealnym miejscem budowy zamków – np. ruiny zamku w Ojcowie, zamek w Pieskowej Skale.

Najbardziej charakterystyczne elementy rzeźby Parku – jaskinie – powstały w wyniku krasowego działania wód. Najdłuższe z nich to: Jaskinia Łokietka, Ciemna, Zbójecka, Okopy Wielka Dolna, Sąspowska, Krakowska, Biała i Koziarnia. Jaskinie Łokietka i Ciemna są otwarte dla turystów.

Cel Parku: ochrona i konserwacja specyficznego środowiska muraw naskalnych i kserotermicznych (ciepłolubnych).

Typy ochrony: ścisła, czynna, częściowa, krajobrazowa



Pieniński PN 1932

Charakterystyka:

Obszar Pienińskiego PN obejmuje najbardziej charakterystyczną część Pienin Właściwych, to jest Masyw Trzech Koron, Pieniny Czorsztyńskie i Przełom Dunajca. Ze względu na walory przyrodnicze spływ tratwami po Dunajcu jest jedną z największych atrakcji na skalę europejską.

Cel Parku: przywrócenie stanu zbliżonego do naturalnego drzewostanów,

które zostały zniszczone pod wpływem działalności człowieka (nasadzanie nowych drzew), ochrona czynna łąk – systematyczne koszenie i wywożenie siana, ochrona motyla - niepylaka apollo, reintrodukacja niektórych gatunków, na przykład sokoła wędrownego, ochrona płazów, edukacja ekologiczna i przyrodnicza.

Typy ochrony: ścisła, czynna, krajobrazowa

Poleski Park Narodowy 1990 rezerwat biosfery UNESCO

Charakterystyka:

Teren Parku jest typowo równinny. Jego osobliwością są tereny podmokłe – bagna, torfowiska, a także wiele jezior i stawów, które zachowały się w naturalnym stanie, bez ingerencji człowieka aż od końca ery lodowcowej. Park obejmuje także najdalej na południowy zachód wysunięty obszar lasotundry w Europie. Ze względu na unikalność obszarów podmokłych, Poleski PN objęty jest ochroną w ramach konwencji RAMSAR.

Cel Parku: ochrona obszarów wodnych, torfowisk, wymierających gatunków, przywracanie terenów podmokłych do ich naturalnego stanu; edukacja ekologiczna, szczególnie dzieci i młodzieży.

Typy ochrony: ścisła, czynna, krajobrazowa

©www.terazwiedza.pl

Roztoczański Park Narodowy 1974

Charakterystyka:

Park jest położony w Roztoczu Środkowym (obejmuje m.in. urozmaicone geologicznie tereny w dolinie rzeki Wieprz). Duży wpływ na faunę i florę tego regionu miał klimat, a dokładniej mieszanie się mas ciepłych i zimnych, dzięki czemu tutejsza flora obfituje w roślinność zarówno górską, jak i atlantycką, co z kolei miało wpływ na występującą na Roztoczu zwierzynę.

Cel Parku: ochrona środowiska przyrodniczego Parku, działania ochronne (wynikające z ochrony czynnej lub zachowawczej) w celu utrzymania najbardziej naturalnego stanu ekosystemu, badania naukowe, edukacja ekologiczna.

Typy ochrony: ścisła, częściowa, czynna, krajobrazowa

Ciekawostka: znajduje się tutaj ok. 400 drzew pomnikowych. Jodły osiągają najwyższe wymiary w Polsce (50 m wysokości, 470 cm obwodu i do 20 m^3 masy drzewnej).

© www.terazwiedza.pl

Słowiński PN 1967 rezerwat biosfery UNESCO

Charakterystyka:

Słowiński PN jest położony na wybrzeżu środkowym, obejmuje Mierzeję Łebską, Nizinę Gardeńsko-Łebską, morenę czołową ze wzgórzem Rowokół (najwyższym wzniesieniem 115 m n.p.m.) oraz kilka przymorskich jezior (ich osobliwością jest okresowe mieszanie się wody słonej ze słodką). Osobliwością Parku są unikatowe na skalę Europy ruchowe wydmy. Teren Parku chroniony jest konwencją RAMSAR.

Cel Parku: ochrona unikatowych wydm ruchomych oraz systemu jezior pomorskich, bagien, torfowisk i nadmorskich borów, utrzymanie ciągłości gatunkowej, zachowywanie naturalnych siedlisk roślinnych i zwierzęcych, edukacja ekologiczna.

Typy ochrony: ścisła, czynna, krajobrazowa, gatunkowa

© www.terazwiedza.pl

Świętokrzyski PN 1950

Charakterystyka:

Góry Świętokrzyskie to najstarsze góry w Polsce. Choć nie są wysokie, zachwyca ich ciekawa budowa oraz bogata fauna i flora. Park znajduje się na terenie dawnej puszczy pokrywającej kiedyś niemal całą Wyżynę Kielecką, dlatego też jednym z najważniejszych zadań jest ochrona pierwotnej przyrody. Osobliwością Parku są gołoborza, czyli rumowiska skalne, których największe skupiska znajdują się na Łysej Górze i Łasicy.

Cel Parku: ochrona wyjątkowej, pierwotnej przyrody Gór Świętokrzyskich, działania mające na celu przywrócenie naturalnego stanu ekosystemów, szczególnie ochrona rodzimego gatunku modrzewia (modrzew polski), ochrona gatunków zagrożonych, edukacja ekologiczna.

Typy ochrony: ścisła, częściowa, krajobrazowa

Tatrzański PN 1954 rezerwat biosfery UNESCO

Charakterystyka:

Tatrzański PN to jedyny park w Polsce o charakterze wysokogórskim. Przez wieki przyroda mogła rządzić się własnym prawami z uwagi na fakt, że obszary wysokogórskie były trudno dostępne. Jednak w XIX w. przemysł, a szczególnie górnictwo, doprowadziło do ogromnych zniszczeń w środowisku tatrzańskim. Niezwykłe walory przyrodnicze tego obszaru odkryto dopiero w XX w. Wtedy też rozpoczęto starania o utworzenie parku narodowego na wzór Parku Yellowstone w USA. Obecnie znaczną część Parku stanowią lasy, zarośla kosodrzewiny oraz murawy wysokogórskie.

Cel Parku: ochrona przyrody Tatr, badania naukowe, edukacja, a także rekreacja w ramach nadrzędnej zasady poszanowania przyrody!

Typy ochrony: ścisła, częściowa, krajobrazowa

Park Narodowy Ujście Warty 2001

Charakterystyka:

Najmłodszy z parków narodowych w Polsce. Swoim zasięgiem obejmuje ujście Warty do Odry w pradolinie Toruńsko-Eberswaldzkiej. Główne elementy krajobrazu to rozległe łąki i pastwiska poprzecinane siecią kanałów oraz starorzeczy. Elementem charakterystycznym są zarośla wierzbowe. Teren Parku stanowi jedną z najważniejszych ostoi ptaków wodno-błotnych w kraju, jest także ważnym miejscem zimowania niektórych gatunków ptaków (łabędzia krzykliwego i niemego, kaczek, gęsi i bielików).

Cel Parku: ochrona cennych terenów podmokłych, rozległych łąk oraz pastwisk.

Typy ochrony: ścisła, częściowa, krajobrazowa

© www.terazwiedza.pl

Wielkopolski Park Narodowy 1957

Charakterystyka:

Park znajduje się nad rzeką Wartą. Charakterystycznymi elementami krajobrazu są liczne jeziora oraz rozległe obszary leśne. Rzeźba terenu ukształtowała się w epoce polodowcowej.

Cel Parku: ochrona polodowcowych form terenu oraz naturalnych ekosystemów, edukacja ekologiczna.

Typy ochrony: ścisła, częściowa, krajobrazowa

© www.terazwiedza.pl

Wigierski PN 1989

Charakterystyka:

Park jest położony w północnej części Puszczy Augustowskiej – największego zwartego kompleksu leśnego na Niżu Środkowoeuropejskim. Obszar Parku obejmuje swoim zasięgiem dorzecze rzeki Czarna Hańcza.

Jest to jeden z największych parków narodowych w Polsce.

Cel Parku: ochrona przyrody w celu zachowania istniejącego stanu lub przywróceniu naturalnego stanu ekosystemów; działalności edukacyjna, badania naukowe, monitoring przyrody.

Typy ochrony: ścisła, częściowa, krajobrazowa

Woliński PN 1960

Charakterystyka:

Woliński PN jest pierwszym w Polsce parkiem morskim. Przez jego teren przebiega trasa przelotu wielu ptaków. Osobliwościami Parku jest klifowe wybrzeże Bałtyku nad zalewem Szczecińskim oraz w okolicach góry Gosań i Kawcza. W skład obszaru Parku wchodzi unikalna wyspiarska delta rzeki Świny. Charakterystyczne są również dobrze zachowane lasy bukowe (buczyna pomorska).

Cel Parku: ochrona unikatowego wybrzeża klifowego oraz delty rzeki Świna; działalność edukacyjna oraz badawczo-naukowa.

Typy ochrony: ścisła, częściowa

REZERWAT

W Polsce uznanie obszaru za **rezerwat** następuje w drodze aktu prawa miejscowego w formie zarządzenia dyrektora regionalnej dyrekcji ochrony środowiska. W zależności od przyjętego celu ochrony wyróżnia się rezerwaty: faunistyczne, florystyczne, leśne, krajobrazowe, torfowiskowe, łąkowe, wodne, przyrody nieożywionej, stepowe i słonoroślowe. Do końca 2011 r. utworzono ponad 1400 różnego rodzaju rezerwatów. Zajmują one

jednak tylko około 0,5% powierzchni kraju.

Rezerwat leśny **Lipówka** w Puszczy Niepołomickiej (objęty ochroną ścisłą)

PARKI KRAJOBRAZOWE

Parki krajobrazowe tworzy się na dużych obszarach cennych pod względem przyrodniczym, kulturowym i historycznym. O powstaniu takich obiektów ochronnych stanowią uchwały sejmików województw po uzgodnieniu z właściwymi radami gmin. Tak jak parki narodowe, parki krajobrazowe mają swoją administrację. W parkach krajobrazowych można użytkować grunty rolne i leśne pod warunkiem, że nie narusza to szeroko rozumianej równowagi ekologicznej. Możliwa jest też działalność gospodarcza nieszkodząca środowisku naturalnemu. Jednym z ważnych celów parków krajobrazowych jest edukacja. Obecnie w Polsce jest ponad 120 parków krajobrazowych o łącznej powierzchni ok. 2,5 mln ha, co stanowi prawie 8% powierzchni Polski.

Rezerwat geologiczny **Prządki** w Czarnorzecko-Strzyżowskim Parku Krajobrazowym

OBSZARY CHRONIONEGO KRAJOBRAZU I ZESPOŁY PRZYRODNICZO KRAJOBRAZOWE

Obszary chronionego krajobrazu to rozległe tereny o dużej różnorodności ekosystemów. Ich podstawowym zadaniem jest zachowanie walorów rekreacyjnych (m.in. przez zakaz budowy obiektów przemysłowych szkodliwych dla środowiska). W Polsce istnieje prawie 400 obszarów chronionego krajobrazu.

Obszar Chronionego Krajobrazu Puszczy Darżlubskiej obejmuje wzgórza moreny Kępy Puckiej i równinnego sandru piaśnickiego. Porastają go cenne leśne zbiorowiska, np. zachodniopomorski kwaśnolubny las bukowo-dębowy, kwaśna buczyna niżowa i bór mieszany sosnowo--dębowy. Stwierdzono tu m.in. występowanie kilkunastu gatunków ptaków z Dyrektywy Ptasiej (por. rozdz: 15.2), w tym 3 gatunki zagrożone w skali Polski

Uzupełnieniem systemu obszarów chronionych są **zespoły przyrodniczo-krajobrazowe**, czyli tereny o dużych walorach estetycznych i widokowych (fragmenty krajobrazu naturalnego mieszają się tam z krajobrazem kulturowym). W zespołach przyrodniczo-krajobrazowych działalność gospodarcza nie jest ograniczana, ale nie może ona niszczyć walorów przyrodniczych i kulturowych.

Zespół przyrodniczo-krajobrazowy **„Wodozbiór”** w Szczecinie (na pograniczu osiedli Warszewo i Bukowo). Na obszarze zespołu (ponad 65 ha) znajduje się piękny staw i źródła kilku niewielkich cieków wodnych. Ten obiekt chroni więc walory krajobrazu półnaturalnego oraz cieki i zbiorniki wodne

Parki krajobrazowe, obszary chronionego krajobrazu i zespoły przyrodniczo-krajobrazowe pełnią też rolę **korytarzy ekologicznych**. Pozwalają one na swobodne przemieszczanie się np. ssaków o dużych wymaganiach przestrzennych, ale także płazów i gadów. W Polsce opracowano już kompletną sieć korytarzy ekologicznych. Obejmuje ona zarówno dwa korytarze główne (o znaczeniu kontynentalnym), jak i korytarze krajowe oraz lokalne.

Ustanawianie korytarzy ekologicznych ma sens tylko wtedy, gdy ciągną się one nieprzerwanie na całej swej długości

Ciekawe! Pierwszy z korytarzy głównych, tzw. korytarz północny, ciągnie się od Puszczy Augustowskiej do Borów Dolnośląskich. Drugi - korytarz „karpacki" - przebiega od Bieszczad do lasów Beskidu Śląskiego.

Ważne! Bazę danych obiektów chronionych w Polsce wg form i lokalizacji znajdziesz **tutaj**. Mapy i dane przestrzenne z Centralnego Rejestru Form Ochrony Przyrody są prezentowane w Geoserwisie GDOŚ tutaj.

14.3. Ochrona czynna w Polsce

W ramach ochrony czynnej człowiek ingeruje w przyrodę. Celem jest odwrócenie lub zatrzymanie niekorzystnych zmian wywołanych w środowisku przyrodniczym przez człowieka. Przykładem takiej celowej ingerencji jest koszenie łąki, na której rosną rzadkie gatunki roślin naczyniowych (w przeciwnym razie sukcesja ekologiczna doprowadziłaby do powstania w tym miejscu lasu). Czynną ochroną jest także przebudowa lasów gospodarczych, które najczęściej są monokulturami sosnowymi lub świerkowym. Działania leśników (m.in. tzw. podsadzanie odpowiednimi gatunkami drzew) zmierzają do odtworzenia lasów zróżnicowanych gatunkowo i wiekowo. Działania aktywne obejmują także **reintrodukowanie gatunków**, np. jesiotra bałtyckiego i sokoła

wędrownego w Polsce. Obecnie ochronę czynną dopuszcza się nawet w rezerwatach przyrody lub parkach narodowych (jest ona wówczas częścią planu ochrony!). Ochrona czynna *ex situ* obejmuje też hodowle rzadkich i ginących zwierząt, głównie w ogrodach zoologicznych. Z kolei ogrody botaniczne prowadzą hodowle rzadkich i ginących gatunków roślin. Nową formą ochrony czynnej są wspomniane już banki nasion, które gromadzą i przechowują nasiona tysięcy różnych roślin cennych pod względem przyrodniczym i gospodarczym.

Restytucja i reintrodukcja żubra była możliwa jedynie dzięki zabiegom hodowlanym

Ważne! Gromadzenie i długotrwałe przechowywanie komórek zwierzęcych zawierających materiał genetyczny jest trudne i kosztowne. Jedną z nielicznych inicjatyw jest brytyjski Projekt **„The Frozen Ark”** (zgromadzono próbki DNA ok. 5 500 gatunków). W Polsce niedawno powstał Krajowy Bank DNA. Jego stronę internetową znajdziesz **tutaj**.

14.4. Zielone Płuca Polski

Naturalny drzewostan w Puszczy Augustowskiej

W skali naszego kraju ideę utrzymania równowagi między postępem cywilizacyjnym i ochroną środowiska, która wykracza poza „rozwiązania standardowe" jest koncepcja **Zielonych Płuc Polski**. Jest to porozumienie władz samorządowych, Narodowej Fundacji Ochrony Środowiska, Ministerstwa Ochrony Środowiska, Zasobów Naturalnych i Leśnictwa oraz Narodowego Funduszu Ochrony Środowiska i Gospodarki Wodnej. Zielone Płuca Polski (ZPP) tworzą rozległe, unikatowe przyrodniczo tereny znajdujące się w północno-wschodniej części Polski. Ich łączna powierzchnia wynosi ponad 63 tys. km², co stanowi 1/5 powierzchni kraju. Ze względu na niską gęstość zaludnienia i relatywnie bardzo dobry stan środowiska naturalnego ZPP mogą stać się swoistą wizytówką nowoczesnej, proekologicznej Polski. Na tym obszarze nakładają się wpływy klimatu północnego, kontynentalnego i atlantyckiego. W połączeniu ze specyficznymi warunkami wodnymi (rozległymi torfowiskami i licznymi jeziorami) region wyróżnia się w skali całego kontynentu europejskiego znaczną różnorodnością biologiczną.

Rozlewiska Narwi w okolicach wsi Pajewo

Jakkolwiek Zielone Płuca Polski nie są inicjatywą rządową, Sejm RP przyjął Deklarację w sprawie obszaru ZPP. Stwierdza się w niej, że Rzeczypospolita Polska uznaje ten obszar za region, w którym należy konsekwentnie przestrzegać idei ekorozwoju.

14.5. Podsumowanie

Ochrona bioróżnorodności - ochrona przyrody w Polsce

Podstawy prawne:

I. Ustawa o ochroni przyrody (z 2004 r.) - określa cele, formy i warunki ochrony przyrody

IA. Rozporządzenie Ministra Środowiska w sprawie ochrony gatunkowej roślin (w tym glonów) (z 2012 r.)

IB. Rozporządzenie Ministra Środowiska w sprawie ochrony gatunkowej zwierząt (z 2011 r.)

IC. Rozporządzenie Ministra Środowiska w sprawie gatunków dziko występujących grzybów objętych ochroną (z 2004 r.)

II. Ustawa - prawo o ochronie środowiska (z 2001 r.) - określa zasady ochrony środowiska i warunki wykorzystania jego zasobów

Formy ochrony przyrody w Polsce:

Ochrona gatunkowa roślin i zwierząt: prawna ochrona gatunków, siedlisk oraz ostoi roślin, glonów, grzybów i zwierząt dziko żyjących

Ochrona indywidualna:

1. Pomniki przyrody
2. Użytki ekologiczne
3. Stanowiska dokumentacyjne

Ochrona obszarowa:

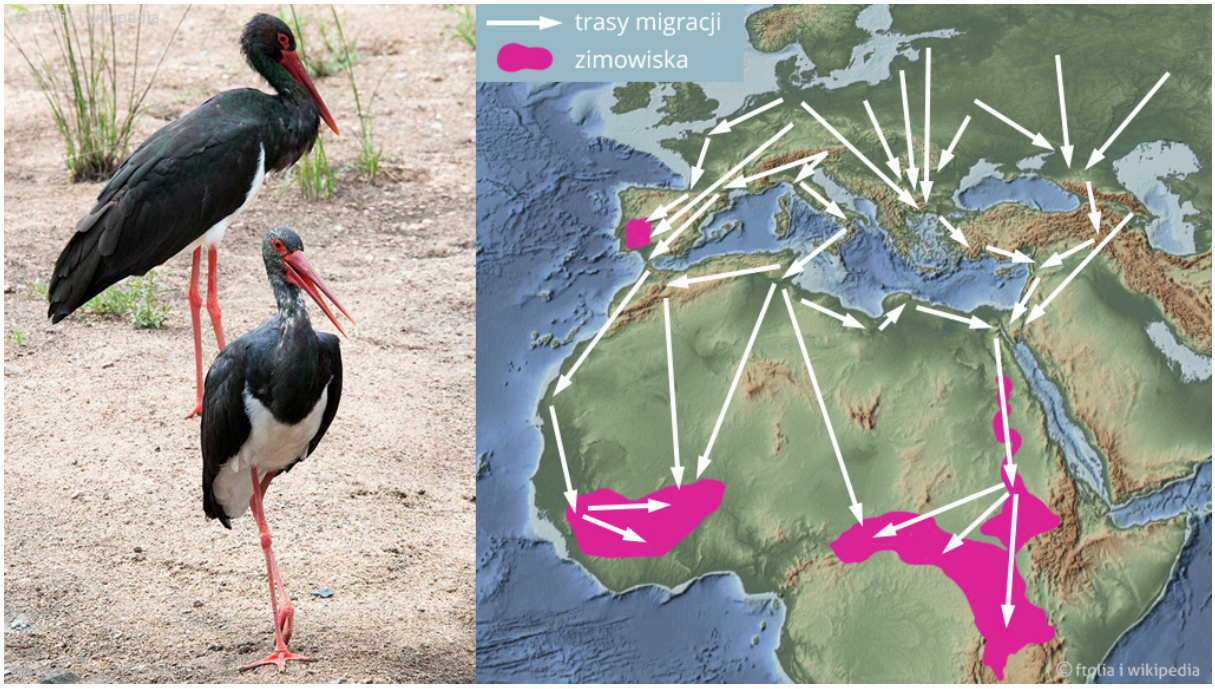
1. Parki narodowe
2. Rezerwaty przyrody
3. Parki krajobrazowe
4. Obszary chronionego krajobrazu
5. Zespoły przyrodniczo-krajobrazwe
6. Obszary Natura 2000

14.6. Polecenia kontrolne

Polecenia kontrolne w postaci pliku pdf możesz pobrać z naszej strony tutaj (wymagane połączenie z internetem).

15. Współpraca międzynarodowa

Znany nam świat został podzielony przez człowieka licznymi granicami państwowymi i prywatnymi. W przyrodzie granice **zasięgów** (czyli obszarów występowania gatunków) wyznaczone są czynnikami naturalnymi. Należą do nich m.in. zakres tolerancji ekologicznej, miejsce specjacji, obecność barier geograficznych i zdolność gatunków do rozprzestrzeniania się. Nie zapominajmy też o licznych interakcjach międzygatunkowych. Jak wiesz, gatunki różnią się wielkością zasięgów. Te kosmopolityczne mają duże zasięgi obejmujące nawet kilka kontynentów. Na drugim biegunie znajdują się **gatunki endemiczne** - o zasięgach niewielkich, ograniczonych do jednego obszaru. Endemity są często **reliktami** przeszłych okresów geologicznych i ich zasięgi mają bardzo małe zagęszczenie stanowisk. Granice państw i granice zasięgów gatunków najczęściej w żaden sposób się nie pokrywają (związek ten nawet w przypadku państw „wyspiarskich" jest niezamierzony). Tak więc problem ochrony bioróżnorodności rozumianej jako ochrona gatunków mających swoje zasięgi nie dotyczy pojedynczych państw.



„Polskie" bociany czarne (Ciconia nigra) zimują w Afryce

Dzisiaj musimy przyjąć prostą zasadę - w obliczu nadciągającego kryzysu

chronimy nie tylko „własną” przyrodę, ale domagamy się tego samego od innych. Na szczęście coraz więcej społeczeństw docenia wartość współpracy międzynarodowej w zakresie ochrony przyrody.

15.1. Konferencje ONZ

SZCZYT ZIEMI W RIO

Dla ochrony różnorodności biologicznej i całej przyrody w skali globalnej wielkie znaczenie miała **Konferencja Narodów Zjednoczonych na temat Środowiska i Rozwoju** (tzw. Szczyt Ziemi), która odbyła się w 1992 r. w Rio de Janeiro. Podczas tego spotkania podsumowano efekty działań podjętych wcześniej i podpisano Konwencję o Różnorodności Biologicznej (ang. Convention on Biological Diversity, CBD). W dokumencie **Agenda 21** określono natomiast zasady **zrównoważonego rozwoju** (tzw. ekorozwoju).

Rio de Janeiro najczęściej kojarzone jest z takimi widokami

SZCZYT ZIEMI W RIO +20

W czerwcu 2012 r. odbył się **Szczyt Ziemi Rio +20**, czyli Konferencja Narodów Zjednoczonych na temat Zrównoważonego Rozwoju (UNCSD). Podczas Konferencji omówiono m.in. przechodzenie do modelu tzw. zielonych gospodarek, ochronę oceanów oraz wykorzystywanie na dużo

większą skalę odnawialnych źródeł energii. Jakkolwiek Szczyt Rio +20 nie spełnił większości oczekiwań, prawie 200 krajów zadeklarowało, że w ciągu 3 lat określi na nowo cele zrównoważonego rozwoju.

Fawela w Rio de Janeiro (fawele są dzielnicami nędzy, żyje w nich około 20% ludności Brazylii)

Możesz obejrzeć słabo znane zdjęcia z ostatniego Szczytu Ziemi **tutaj**.

15.2. Konwencje i programy międzynarodowe

KONWENCJA WASZYNGTOŃSKA

Konwencja o Międzynarodowym Handlu Zagrożonymi Wyginięciem Dzikimi Gatunkami Zwierząt i Roślin (ang. Convention on International Trade in Endangered Species of Wild Fauna and Flora, CITES). Od miejsca podpisania zwana jest także **Konwencją Waszyngtońską**. Celem Konwencji jest eliminacja niezrównoważonej eksploatacji dzikich gatunków spowodowanej przez handel międzynarodowy. Obecnie Konwencja CITES obejmuje ochroną prawie 34 tys. gatunków, niezależnie od tego, czy handel odbywa się okazami żywymi lub martwymi, ich częściami (np. kość słoniowa lub skóra) lub produktami pochodnymi (np. lekarstwa wyprodukowane ze zwierząt lub roślin). Państwa członkowskie, nazywane Stronami Konwencji CITES, razem reglamentują handel

gatunkami podlegającymi ochronie według Konwencji (zob. poniżej). Oznacza to, że wszystkie Strony Konwencji CITES mają wspólne ramy prawne i procedury (także w stosunku do państw, które nie są stronami konwencji). Konwencję ratyfikowało ponad 170 państw (Polska w 1989 roku). Funkcję Organu Zarządzającego Konwencji Waszyngtońskiej w Polsce pełni Minister Środowiska. Funkcję Organu Naukowego - Państwowa Rada Ochrony Przyrody.

Fossa (Cryptoprocta ferox) - największy drapieżny ssak żyjący na Madagaskarze. Jego też obejmuje Konwencja CITES

Ważne! Wprowadzenie do Konwencji CITES i informacje związane z jej wdrażaniem w krajach Unii Europejskiej znajdziesz **tutaj** (język ang.) i **tutaj**.

KONWENCJA RAMSARSKA

Międzynarodowy układ dotyczący ochrony przyrody: **„Konwencja o obszarach wodno-błotnych mających znaczenie międzynarodowe, zwłaszcza jako środowisko życiowe ptactwa wodnego”** podpisano w miejscowości Ramsar (w Iranie). Stąd wzięła się popularna nazwa: **Konwencja Ramsarska** (ang. Ramsar Convention on Wetlands). Konwencja wyznacza ramy współpracy międzynarodowej w zakresie ochrony obszarów wodno-błotnych (zachowanie w niezmienionym stanie obszarów bagiennych oraz różnorodności zamieszkujących je na stałe lub okresowo gatunków ptaków).

Łączna powierzchnia chronionych obszarów wodno-błotnych przekroczyła 193,4 mln ha

Konwencję Ramsarską podpisały 154 kraje. Rzeczypospolita Polska ratyfikowała jej postanowienia już w 1978 roku. W naszym kraju na listę Konwencji wpisano 13 obszarów wodno-błotnych o łącznej powierzchni

ponad 145 tys. ha. W lipcu 2012 r. w Bukareszcie odbyła się 11 Konferencja sygnatariuszy Konferencji Ramsarskiej pod hasłem „Wetlands: home and destination" (w wolnym tłumaczeniu: Obszary wodno-błotne: siedlisko i miejsce wędrówek).

UWAGA: Dzień podpisania Konwencji (drugiego lutego) obchodzony jest jako Międzynarodowy Dzień Mokradeł.

Ważne! Anglojęzyczną stronę internetową dotycząca Konwencji Ramsarskiej znajdziesz **tutaj**. Szukasz obszaru objętego Konwencją Ramsarską w dowolnym państwie, kliknij **tutaj**.

PROGRAM NATURA 2000

Sieć **Natura 2000** utworzono w celu zachowania zagrożonych wyginięciem gatunków roślin i zwierząt oraz siedlisk przyrodniczych. Podstawą prawną tworzenia tej sieci na terytorium krajów Unii Europejskiej są **Dyrektywy Parlamentu Europejskiego i Rady Europejskiej** w sprawie ochrony dzikiego ptactwa (tzw. Dyrektywa Ptasia) i w sprawie ochrony siedlisk przyrodniczych oraz dzikiej flory i fauny (tzw. Dyrektywa Siedliskowa)*. Dyrektywy stanowiące podstawę Programu nakładają na każde państwo Unii bezwzględny obowiązek: oceny wpływu każdego projektowanego przedsięwzięcia podejmowanego na obszarze chronionym (zanim wydane zostanie jakiekolwiek zezwolenie na jego realizację), zapobiegania wszelkim pogorszeniom stanu siedlisk i znaczącemu niepokojeniu gatunków będących na danym obszarze przedmiotami ochrony oraz ochrony proaktywnej, czyli wprowadzenia specjalnych środków (także ochrony czynnej) gwarantujących docelowo zachowanie przedmiotów ochrony we właściwym stanie**. Europejską Sieć Programu tworzą obszary specjalnej ochrony ptaków i specjalne obszary ochrony siedlisk.

Odrzańska wyspa **Wielki Karw** leży w granicach obszaru Ujście Odry i Zalew Szczeciński należącego do sieci Natura 2000

*W UE procedowane dokumenty mogą mieć rangę dyrektywy lub rozporządzenia. Podpisanie dyrektywy przez członka Unii jest zobowiązaniem do wprowadzenia (implementacji) przyjętych ustaleń na swoim terytorium. W odróżnieniu od dyrektywy rozporządzenie jest aktem prawnym o najszerszym zasięgu i obowiązuje we wszystkich państwach UE.

**Opisywane tu dyrektywy po implementacji mają wagę obowiązującą.

W Polsce Program Sieć Natura 2000 wdrażany jest od momentu wejścia naszego kraju do UE. Zgodnie z zapisami Dyrektyw państwa członkowskie przygotowują listy i propozycje sieci w obrębie własnego kraju. Listę obszarów wchodzących w skład Europejskiej Sieci Ekologicznej ustala Komisja UE w porozumieniu z zainteresowanymi krajami. Dla zatwierdzonych obszarów przygotowywane są priorytety i plany ochrony oraz wyznaczane działania ochronne. Wyznaczanie obszarów chronionych i ustalanie zasad ich ochrony odbywa się na drodze konsultacji społecznych. Obszary Natura 2000 wyznacza się jedynie w oparciu o przyrodnicze kryteria naukowe. Podstawą identyfikacji tych obszarów jest najlepsza dostępna wiedza naukowa na temat występowania i liczebności gatunków

oraz siedlisk chronionych na mocy unijnych dyrektyw przyrodniczych. Względy ekonomiczne czy społeczne nie mogą mieć wpływu na rezygnację z wyznaczania ostoi spełniających takie kryteria.

Puszcza Niepołomicka jest pozostałością wielkiego kompleksu leśnego, który zajmował znaczną część Kotliny Sandomierskiej

Do końca 2011 roku obszary sieci Natura 2000 zajmowały łącznie ponad 21% powierzchni naszego kraju. Polskojęzyczną stronę internetową Programu (wraz z wyszukiwarką obiektów) znajdziesz **tutaj**.

PROGRAM CZŁOWIEK I BIOSFERA (MaB)

Program **Człowiek i Biosfera** (ang. Man and Biosphere, MaB) powołano do życia w 1970 roku na Konwencji Genewskiej UNESCO. Ma on na celu poprawę relacji między ludźmi a środowiskiem na całym świecie. W ramach programu realizowane są interdyscyplinarne programy badawcze służące poprzez działania ekologiczne, społeczne i ekonomiczne ograniczeniu strat w bioróżnorodności. Program MaB zajmuje się m.in. problemami pustynnienia, spadku urodzajności gleb, gospodarowania ekosystemami wodnymi, eksploatacji zasobów naturalnych i edukacją środowiskową. Podstawowym efektem funkcjonowania Programu są tworzone na całym świecie **Rezerwaty Biosfery** (RB). Ich zadaniem jest ochrona ekosystemów reprezentatywnych dla głównych biomów

występujących w danym kraju. Rezerwaty biosfery są równocześnie ośrodkami naukowymi umożliwiającymi obserwację (monitoring) zmian ekologicznych w skali całej planety.

Światowy Rezerwat Biosfery **Wyspy Kanaryjskie**

Ciekawy link!

Wszystkie obiekty tworzą **Światową Sieć Rezerwatów Biosfery UNESCO**. Dotychczas utworzono ponad 580 RB zlokalizowanych w 114 krajach. Na terenie Polski aż 10 obiektów uznano za Rezerwaty Biosfery.

Ważne! Listę, a także opisy polskich obiektów umieszczonych na Światowej Liście Rezerwatów Biosfery UNESCO znajdziesz **tutaj**. Oficjalną stronę UNESCO poświęconą MaB (język ang.) znajdziesz **tutaj**.

15.3. Podsumowanie

Ochrona bioróżnorodności - współpraca międzynarodowa	
Inicjatywy	**Przedmiot inicjatywy**
Konferencja w Sztokholmie (1972)	Deklaracja Narodów Zjednoczonych (NZ) w Sprawie Środowiska Naturalnego Człowieka - powołanie agendy Programu Środowiskowego NZ (UNEP)
Konferencje ONZ: Rio de Janerio (1992) Rio de Janerio + 20 (2012) (Szczyt Ziemi)	Konwencje: o zmianie klimatu; o ochronie różnorodności biologicznej Deklaracje: Agenda 21 o zrównoważonym rozwoju i o lasach Deklaracja: „The future we want" (w wolnym tłumaczeniu „Chemy przyszłości") na rzecz nowych ram zrównoważonego rozwoju
Konferencja w Waszyngtonie (1993)	Konwencja Waszyngtońska (CITES) o Międzynarodowym Handlu Dzikimi Gatunkami Roślin i Zwierząt Zagrożonych Wyginięciem
Konferencja Ramsarska (1971)	Konwencja o obszarach wodno-błotnych mających znaczenie międzynarodowe, zwłaszcza jako środowisko życiowe ptactwa wodnego
Program Natura 2000 (utworzenie w krajach UE wspólnego systemu obszarów objętych ochroną)	Europejska Sieć Ekologicznych obszarów ochrony Natura 2000 Dyrektywa Ptasia o ochronie dziko żyjących ptaków - tworzenie obszarów specjalnej ochrony ptaków (OSOP) Dyrektywa Siedliskowa o ochronie zagrożonych siedlisk przyrodniczych, dziko żyjącej fauny (poza ptakami) i flory, tworzeniu obszarów ochrony siedlisk
Program UNESCO Człowiek i Biosfera (MaB) (1971)	Badania relacji między człowiekiem a środowiskiem, realizacja celów konwencji o różnorodności biologicznej, tworzenie Sieci Rezerwatów Biosfery

15.4. Polecenia kontrolne

Polecenia kontrolne w postaci pliku pdf możesz pobrać z naszej strony tutaj (wymagane połączenie z internetem).

16. Inicjatywy pozarządowe

Ochrona przyrody to nie tylko działania instytucji rządowych, ale także liczne inicjatywy pozarządowe. Większość z nich ma zasięg lokalny, jedynie kilka międzynarodowy. Zajmują się przede wszystkim nagłaśnianiem lokalnych i globalnych problemów ekologicznych, ale także np. edukacją i rozwojem świadomych postaw konsumenckich. Jednym z najsilniejszych, wciąż niedocenianych, „lobby proekologicznych" są szkoły. Ochrona przyrody jest w nich objęta obligatoryjnymi programami nauczania. Najczęściej jednak tylko dzięki pracy nauczycieli-zapaleńców dzieci i młodzież mają okazję przekonać się, że idea ochrony przyrody nie jest zbiorem nudnych regułek do „wkucia".

Zajęcia terenowe młodzieży (pobieranie próbek wody do badań laboratoryjnych)

16.1. Organizacje pozarządowe

W Polsce od 1928 r. działa stowarzyszenie **Liga Ochrony Przyrody** (LOP). Dla założycieli LOP wzorcem była założona już w 1909 r. Szwajcarska Liga Ochrony Przyrody. Dzisiaj LOP popularyzuje idee ochrony przyrody i zajmuje się gatunkami zagrożonymi. W tym celu prowadzi działalność edukacyjną we wszystkich typach szkół i zachęca do podejmowania prac na rzecz środowiska przyrodniczego.

Jedną z największych organizacji chroniących przyrodę w Polsce jest **Ogólnopolskie Towarzystwo Ochrony Ptaków** (OTOP). Ta pozarządowa organizacja zajmuje się ochroną dzikich ptaków i ich siedlisk. Stronę internetową OTOP znajdziesz **tutaj**.

Światowy Funduszu na Rzecz Przyrody (World Wide Fund for Nature, WWF) jest jedną z największych międzynarodowych organizacji działających na rzecz ochrony środowiska naturalnego. Fundusz istnieje już ponad 50 lat. Przyczynił się do ochrony wielu ginących gatunków zwierząt

oraz unikalnych miejsc przyrody (m.in. brał udział w powstaniu ponad 270 parków narodowych w różnych krajach całego świata). Finansowanie WWF zapewniają składki członkowskie, dotacje państwowe oraz dary osób prywatnych i organizacji. Od prawie 20 lat WWF działa także w Polsce. Angażuje się między innymi w ochronę wilków, niedźwiedzi i rysi oraz szczególnie cennych przyrodniczo rzek (Rospudy, Biebrzy) i lasów w Polsce południowo-wschodniej.

Światowa Unia Ochrony Przyrody i Jej Zasobów (ang. International Union for Conservation of Nature, IUCN) to pierwsza światowa organizacja, która działa na rzecz ochrony środowiska. Od wielu lat publikuje międzynarodową **Czerwoną Księgę** gatunków roślin i zwierząt zagrożonych wyginięciem wraz z informacjami o przyczynach zagrożeń oraz propozycjami metod ochrony. Na ten wzór stworzono Polską

Czerwoną Księgę Zwierząt oraz Czerwoną Listę Roślin i Grzybów Polski. Szukasz obszaru chronionego? Wejdź na **www.protectedplanet.net**. Jest to jedna z najnowszych inicjatyw IUCN. Strona ta pokazuje ponad 150 tys. obszarów chronionych na całym świecie. Przyjęto w niej konwencję interaktywnej platformy wiki.

GREENPEACE

Greenpeace (Fundacja Greenpeace) jest międzynarodową organizacją, która działa na rzecz ochrony środowiska naturalnego. Niezależność zapewniają jej indywidualni darczyńcy, ponieważ Greenpeace nie przyjmuje pieniędzy od firm i rządów. Greenpeace ma zasięg globalny. Jej sympatycy uczestniczą w spektakularnych kampaniach ekologicznych na całym świecie. Często są to działania radykalne i kontrowersyjne, np. abordaże statków wielorybniczych czy „okupowanie" kominów elektrociepłowni. Wielu oponentów Greepeace nazywa je więc ekoterrorem, a aktywistów organizacji - ekocynikami. Nie należy jednak zapominać, że za krytyką Greenpeace często stoi lobby przemysłowe, które wyolbrzymia negatywne skutki akcji bezpośrednich.

Aktywiści Greenpeace na budynku wielkiej kompanii naftowej

Ocena działalności Greenpeace powinna opierać się na racjonalnych przesłankach. Szukanie informacji zacznij od **http://www.greenpeace.org/poland/pl/**

FOREST STEWARDSHIP COUNCIL A.C.

FSC jest międzynarodową organizacją promującą odpowiedzialne gospodarowanie zasobami leśnymi świata. Skupia właścicieli lasów, organizacje społeczne, firmy przetwórstwa drzewnego i papierniczego, a nawet sieci handlowe. Polskim oddziałem FSC jest Związek Stowarzyszeń na rzecz Odpowiedzialnego Leśnictwa. Oprócz środowisk biznesowych tę pozarządową organizację non-profit współtworzyła Liga Ochrony Przyrody i Polski Klub Ekologiczny. O FSC dowiesz się więcej **tutaj.**

16.2. Podsumowanie

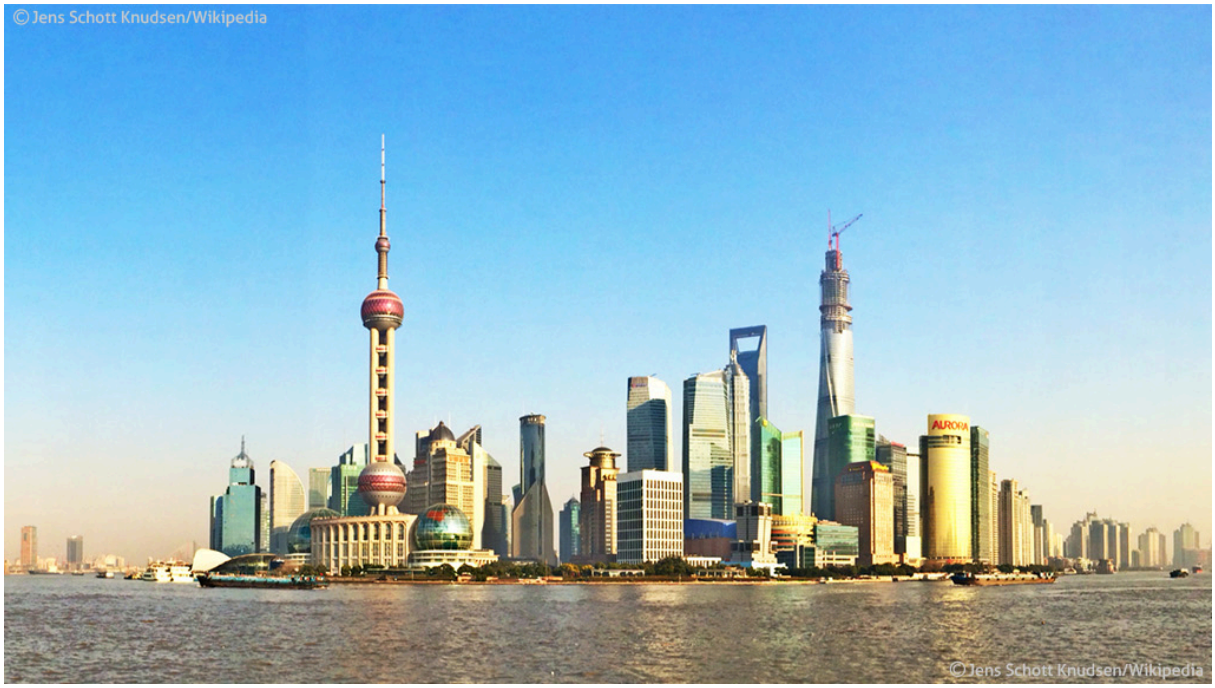
Organizacje pozarządowe	Działania
I. W Polsce	
Liga Ochrony Przyrody (LOP, zał. 1928)	Edukacyjne, informacyjne, popularyzacja idei ochrony przyrody i informacja o gatunkach chronionych, np. zagrożonych wyginięciem
Ogólnopolskie Towarzystwo Ochrony Ptaków (OTOP, zał. 1991)	Edukacyjne, informacyjne, naukowe z zakresu ochrony dzikich ptaków oraz ich siedlisk
II. W Europie i na świecie	
Światowy Fundusz Na Rzecz Przyrody (WWF, 1961)	Edukacyjne, praktyczne w zakresie powstrzymywania degradacji środowiska Ziemi, popularyzowanie idei zrównoważonego rozwoju
Międzynarodowa Unia Ochrony Przyrody (IUCN, 1948)	Edukacyjne, m.in. zasady ochrony i użytkowania ekosystemów, publicystyczne - wydawanie międzynarodowej Czerwonej Księgi
Greenpeace (Fundacja Greenpeace, 1971)	Edukacyjne, informacyjne, organizowanie kampanii na rzecz ochrony środowiska np. w sprawie ochrony lasów, oceanów, klimatu, energii
Forest Stewardship Council (FSC, 1993)	Informacyjne - promocja racjonalnego gospodarowania zasobami leśnymi świata; świadoma gospodarka leśna

16.3. Polecenia kontrolne

Polecenia kontrolne w postaci pliku pdf możesz pobrać z naszej strony tutaj (wymagane połączenie z internetem).

17. Przyszłość naszego środowiska

Przetrwanie naszego gatunku zależy bezpośrednio od stanu środowiska naturalnego. Tymczasem, jak już wielokrotnie wspominaliśmy, jego stan pogarsza się w zastraszającym tempie. Trzeba sobie uczciwie powiedzieć, że obecnie nie ma ekonomicznych i technicznych możliwości zatrzymania tego zjawiska. Czy jesteśmy zatem skazani na szóste wielkie wymieranie? Nie. Musimy jednak spowolnić proces niszczenie środowiska, chronić wybrane obszary Ziemi cechujące się największą różnorodnością biologiczną i rozwijać nowoczesne gałęzie przemysłu, przede wszystkim biotechnologię.



Szanghaj - jedno z najnowocześniejszych i jednocześnie najbardziej zatłoczonych miast świata

Strategiczne kierunki działań:

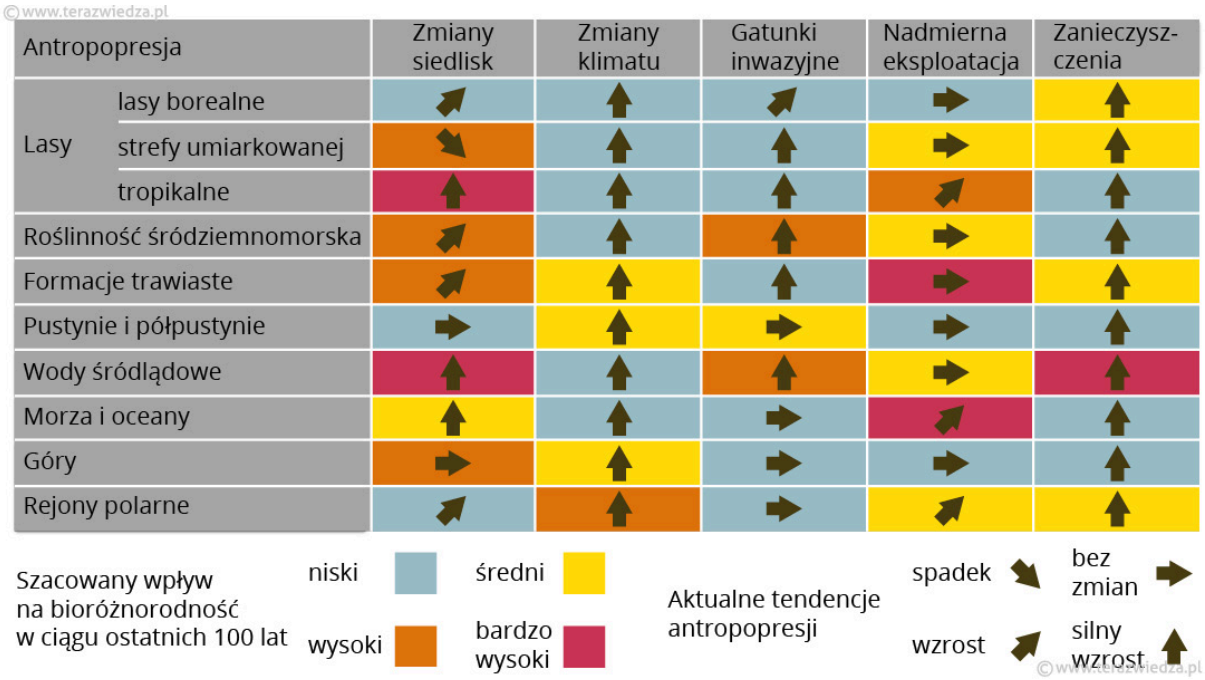
1. Spowolnienie degradacji środowiska przyrodniczego.

2. Ochrona miejsc o największej bioróżnorodności.

3. Rozwój nowoczesnych technologii.

Ciekawe! Wizualizację jednego z futurystycznych, ale realnych projektów wytwarzania energii elektrycznej możesz obejrzeć **tutaj**.

17.1. Gorące punkty różnorodności biologicznej



Podstawowe problemy antropopresji. Źródło: Ecosystem and Human Well-being. Biodiversity Synthesis. Wydana przez Millenium Ecosystem Assessment na podstawie raportu World Resources Institute

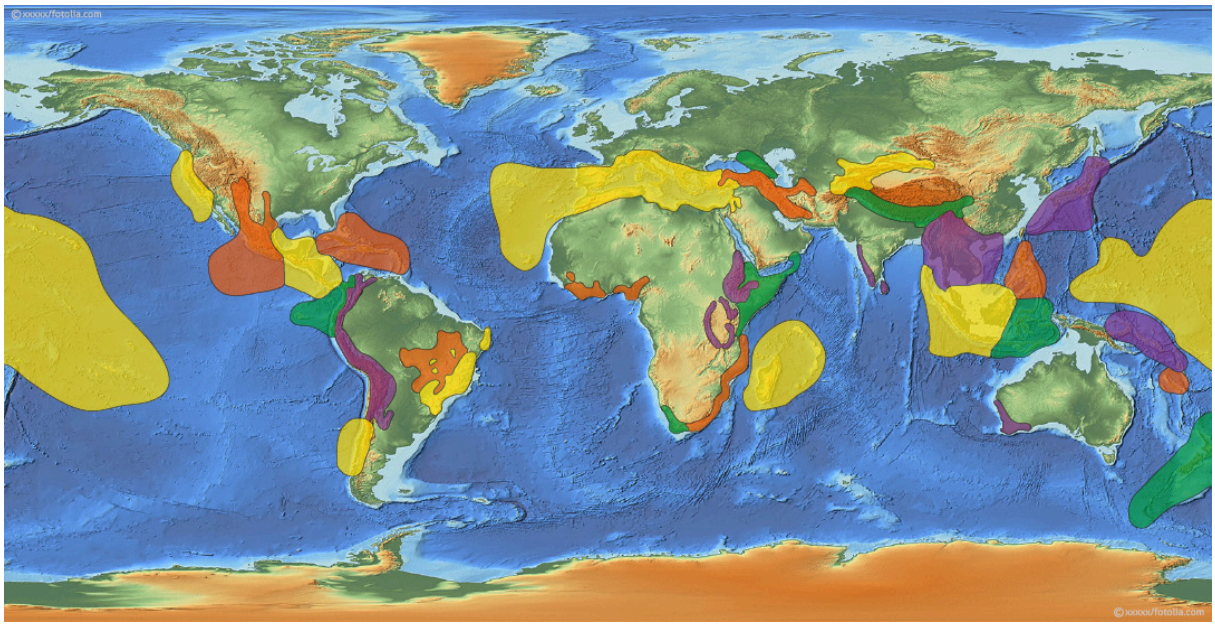
Dla globalnej ochrony różnorodności biologicznej kluczowe znaczenie ma koncepcja **gorących punktów różnorodności biologicznej** (ang. biodiversity hotspots). Jej twórca, Norman Myers, założył, że działania ochronne należy skoncentrować w tych miejscach Ziemi, gdzie różnorodność biologiczna jest największa i jednocześnie jest najbardziej zagrożona (innymi słowy, działać należy tam, gdzie zastosowane środki będą miały najlepszy i największy efekt). Obecnie wyznaczono już kilkadziesiąt takich obszarów (por. dalej). Zajmują one zaledwie 16% powierzchni lądów, ale żyje tam prawdopodobnie prawie połowa wszystkich gatunków. Niestety, ponad 80% powierzchni gorących punktów bioróżnorodności to tereny silnie zmienione lub zdewastowane.

Atrakcje w **Walpole-Nornalup** NP (ekoregion Australia Południowo-Zachodnia)

Na razie, mimo że od podpisania Konwencji o Bioróżnorodności w Rio upłynęło ponad 20 lat, działania instytucji ograniczają się głównie do naukowego opracowywania i katalogowania gatunków żyjących w gorących punktach.

Fynbos to formacja roślinna charakterystyczna dla Florystycznego Regionu Przylądkowego

W 2010 r. Zgromadzenie Ogólne ONZ zadeklarowało, że lata 2010-2020 mają być „Dekadą Różnorodności Biologicznej" (rezolucja 65/161). Warto zajrzeć na anglojęzyczną stronę **Conservation International**.



Położenie gorących punktów różnorodności biologicznej

17.2. Model ochrony różnorodności biologicznej

Dla ochrony różnorodności biologicznej podstawowe znaczenie ma zapobieganie wymieraniu gatunków dziko żyjących. Cel ten można osiągnąć przez właściwe planowanie działań gospodarczych oraz ochronę in situ i ex situ.

Hierarchia sposobów działania:

1. Planowanie przestrzenne

Oznacza właściwe zaplanowanie działań człowieka (gospodarczych i urbanistycznych) w środowisku. Ten typ działań umożliwia ochronę całych siedlisk i ekosystemów. Jest relatywnie najtańszym sposobem ochrony licznych gatunków.

2. Ochrona *in situ*

Odpowiednio wyznaczona i chroniona sieć obszarów (parków narodowych oraz rezerwatów), na których występują gatunki rzadkie i

cenne pod względem przyrodniczym, a także ekonomicznym. Ten typ ochrony wymaga niezbyt wysokich nakładów finansowych, ale jej koszty są większe niż w przypadku planowania przestrzennego.

3. Ochrona *ex situ*

Realizowana jest w ogrodach zoologicznych, botanicznych i w bankach nasion. Ze względu na wysokie koszty możliwa jest tylko w odniesieniu do wybranych gatunków. Wyboru dokonuje się więc zgodnie z zasadą priorytetu - ocenia się, jak duże mogą być straty wynikłe z wymarcia gatunku (gatunków) i podejmuje działania tam, gdzie potencjalne straty będą największe. Stosowanie tych sposobów w odniesieniu do wszystkich gatunków nie jest możliwe. Na szczęście dwa pierwsze "poziomy" działań są już intensywnie realizowane i koordynowane na poziomie międzynarodowym. Przykładem może być opisana wcześniej Sieć Natura 2000 czy paneuropejska koncepcja sieci ekologicznej **EECONET** (ang. European Ecological Network). Jej elementami są obszary węzłowe, łączące je korytarze ekologiczne oraz obszary, na których wpływ człowieka powinien zostać mocno ograniczony.

17.3. Antropocen - nowa epoka geologiczna?

Ziemia liczy 4,6 mld lat. W tym czasie różne wydarzenia, jak np. wspomniane już uderzenia ciał niebieskich czy wzrost aktywności wulkanicznej, znaczyły granice między poszczególnymi erami geologicznymi, okresami czy epokami. Oficjalnie żyjemy w holocenie, epoce charakteryzującej się relatywnie stabilnym klimatem, dzięki któremu człowiek mógł rozwinąć swoją cywilizację. Ale czy na pewno jest to wciąż holocen? Jeśli nie, to czy żyjemy w **antropocenie** – epoce geologicznej ukształtowanej przez człowieka?

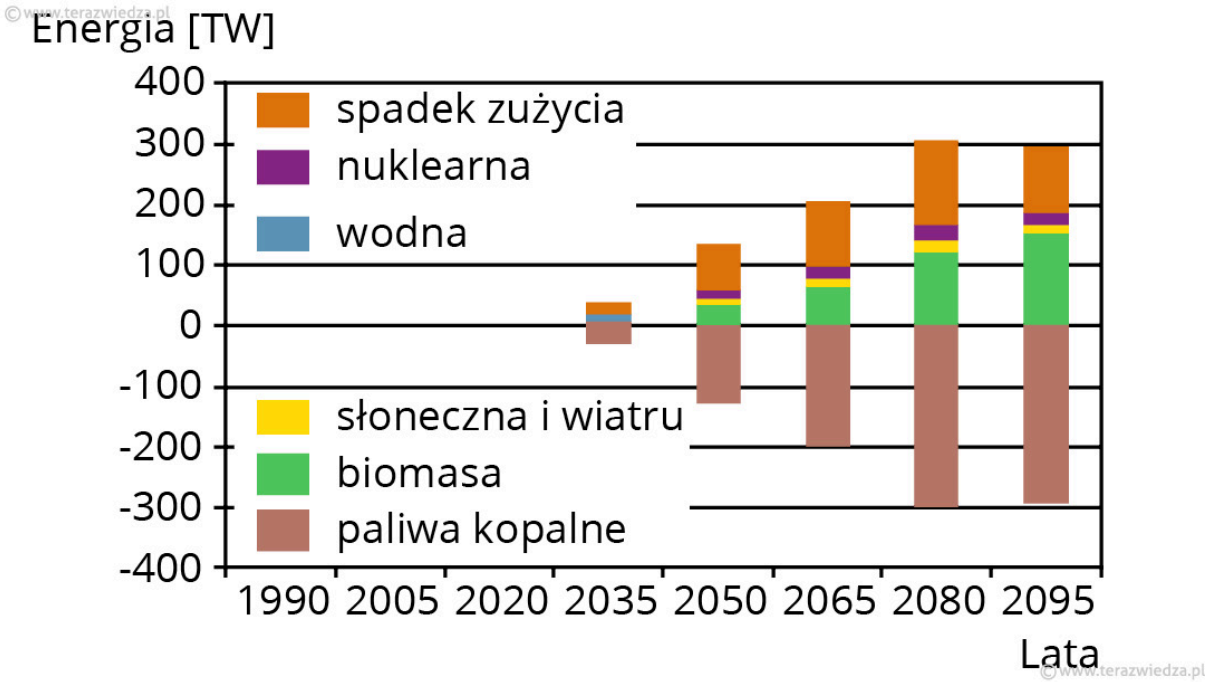
Obejrzyj film-zwiastun antropocenu **tutaj**.

Już w 1873 r. włoski geolog Antonio Stoppani dla epoki, w której żył, zaproponował nazwę antropozoik. Propozycja ta została jednak zupełnie zignorowana. Gdy ponad 100 lat później holenderski noblista Paul Crutzen stwierdził, że holocen się skończył i że obecnie żyjemy w antropocenie (*antropo* z greckiego oznacza „człowiek", *cene* – „nowy"), reakcja środowiska naukowego była już odmienna. Część, jak na przykład naukowcy z Towarzystwa Stratygraficznego, wciąż debatuje, czy są

podstawy do ogłoszenia nowej epoki w historii geologicznej naszej planety. Inni uznali, że człowiek jest już siłą sprawczą zmieniającą geologię Ziemi i związku z tym wyznacznikiem nowej epoki. Za początek antropocenu zwykle przyjmuje się lata 50 XX wieku, ponieważ wówczas po raz pierwszy użyto bomby atomowej (pojawienie się pierwiastków radioaktywnych zostało odzwierciedlone w osadach – podstawie do klasyfikacji epok geologicznych). Od tego czasu odnotowuje się także niespotykany do tej pory przyrost naturalny, postępującą urbanizację, bardzo szybki rozwój nowych technologii, a szczególnie ogromne zużycie zasobów naturalnych.

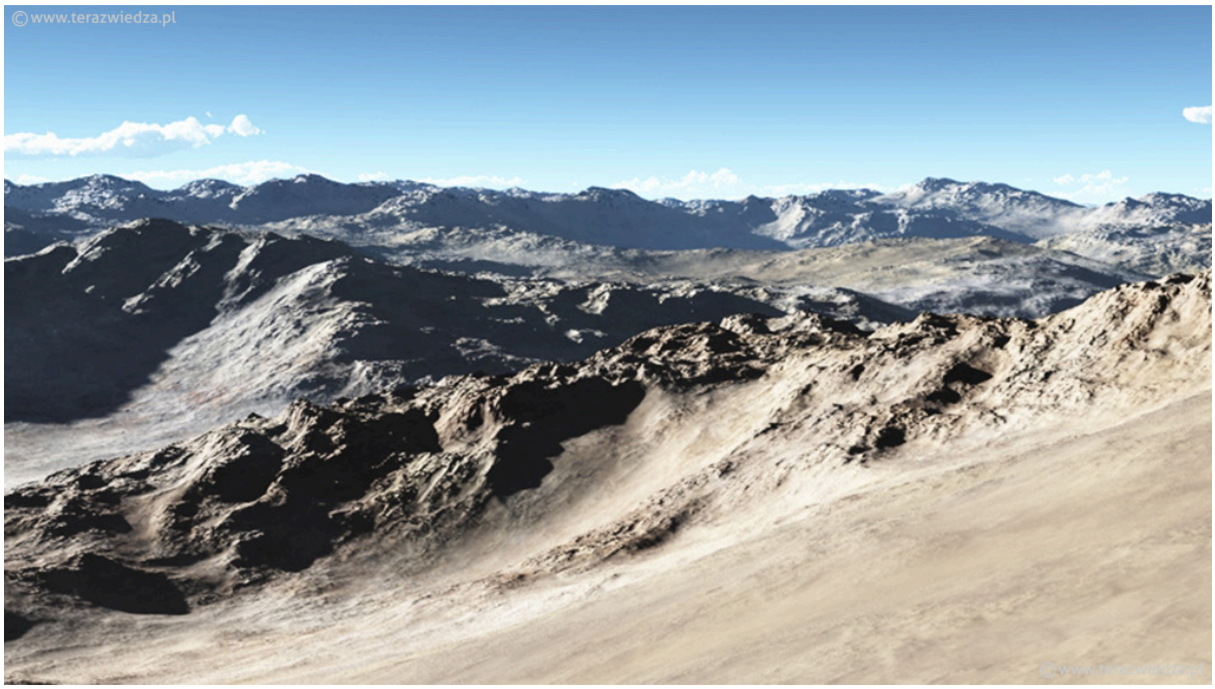
Europa i północna Afryka widziane nocą z bardzo dużej wysokości

Postęp techniczny ostatnich 50 lat w drastyczny sposób wpłynął na środowisko naturalne od globalnego ocieplenia począwszy przez deforestację, erozję gleb, wzrost temperatury oceanów oraz ich kwasowości, a na wymieraniu coraz większej liczby gatunków skończywszy. Wydaje się, że tylko osiągnięcia biotechnologii mogą odwrócić ten trend, między innymi przez całkowite wyeliminowanie paliw kopalnych, zmniejszenie globalnego zużycia energii i przestawienie światowego systemu energetycznego na paliwa odnawialne. Zmiany te będzie musiało przeprowadzić twoje pokolenie.



Przewidywane zmiany globalnego zużycia energii (do 2100 r.)

Pamiętaj - mimo ogromnej wiedzy wciąż nie wiemy, jakie są granice „wytrzymałości" biosfery. Jak mówi sam Crutzen, nie chodzi o to, by zmieniać informację zawartą w podręcznikach. Pojęcie „antropocen" ma służyć jako ostrzeżenie dla świata. Człowiek musi zastanowić się na swoimi działaniami, by geolodzy w przyszłości – jeśli takowi będą istnieć – nie zastanawiali się, czy w naszej epoce w Ziemię uderzyła jakaś asteroida, czy też to sam człowiek doprowadził do takiej katastrofy.



Ziemia - rok 2115?

BIOLOGIA
ZAKRES ROZSZERZONY
Już wkrótce na www.terazwiedza.pl
kursy online
ebooki